

Genética y mejoramiento

Análisis de asociación genómica para identificación de variaciones tipo SNP asociados con resistencia a parásitos gastrointestinales en ovinos criollos

Genome wide association to identify SNP variants related to gastrointestinal parasite resistance in creole ovine

Yolanda Gómez Vargas¹, MV; Rodrigo A Martínez Sarmiento¹, Zoot, PhD; Diego H Bejarano Garavito¹, MVZ, PhD; Juan F Martínez Rocha¹, MV; Claudia Jurado², MV; Carlos Lucero¹, Zoot, PhD.

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (CORPOICA), Centro de Biotecnología y Bioindustria (CBB), C.I. Tibaitatá. ²Centro de Investigaciones Obonuco, Pasto Nariño.
Email: yolag1984@hotmail.com

Introducción: una limitante importante en los sistemas de producción ovina es el control de parásitos gastrointestinales, debido al uso indiscriminado de métodos de control químico poco efectivos. **Objetivo:** este trabajo se realizó con el fin de identificar las variaciones del ADN sobre las características fenotípicas asociadas con carga de parásitos gastrointestinales e índices de anemia en ovinos mediante un análisis de asociación genómica. **Métodos:** se registro información para variables fenotípicas (FAMACHA, hematocrito, hemoglobina, recuento de *Eimeria spp.*, recuento de huevos fecales) y se construyó un índice de anemia. La información se registró durante dos años en 180 animales de las razas Criolla y Mora colombiana, se seleccionaron animales con fenotipos extremos (n=40) que fueron usados para genotipado a gran escala (chip Ovine SNP50 BeadChip). Resultados de información fenotípica y genotipado fueron analizados mediante la metodología ssBLUP utilizando una matriz de relaciones genómicas para estimar el efecto de cada uno de los SNP's. **Resultados:** para la característica FAMACHA los cromosomas 3 y 6 presentaron el mayor número de SNP significativos ($p < 1.0 \cdot 10^{-7}$) con 16 y 11 SNP's respectivamente; para el nivel de hematocrito y hemoglobina los cromosomas 4 y 7 (con 21 y 17 SNP's respectivamente), para el conteo de huevos de *Eimeria spp.* el cromosoma 2 presentó 23 SNP's significativos. Finalmente el índice de anemia presentó el mayor efecto sobre los cromosomas 4, 6 y X (con 10, 12 y 12 SNP's, respectivamente). Los cromosomas 2, 4 y 7 presentaron el mayor número de SNP's significativos (46, 68 y 42 SNP's, respectivamente). Para la variable hematocrito, el SNP de mayor significancia (cromosoma 7) se encuentra dentro del gen ATP8B4, el cual es descrito como ATPasa, que participa en el transporte de fosfolípidos a la membrana celular. Para conteo de huevos de *Eimeria spp.*, el SNP más significativo (cromosoma 8) se encuentra dentro del gen AKAP12 y corresponde a una quinasa (PRKA). **Conclusión:** se identificaron regiones genómicas que presentan una asociación altamente significativa con características asociadas a parasitismos gastrointestinales en ovinos, esta información en el futuro pueden ser utilizada para selección asistida por marcadores moleculares.

Palabras clave: crecimiento, genética, genómica, razas criollas.

Key words: creole breeds, genetic, genomic, growth.

Análisis de factores en la descripción de la curva de lactancia en vacas Lucerna y sus cruces

Factor analysis for describing lactation curve in Lucerna cows and their crosses

Antonio S Ferraudo¹, Mat, MSc, PhD; Nathalia Giraldo², Est MVZ; Luis G González Herrera², MVZ, Msc, PhD.

¹Profesor asociado Universidade Estadual Paulista, Departamento de Ciências Exatas, Jaboticabal, Sao Paulo, Brasil. ²Grupo de Investigación en Producción

Pecuaria Sostenible, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia.
Email: pascu002000@yahoo.es

Introducción: la producción de leche (PL) puede ser medida varias veces durante la lactancia de un individuo, pudiéndose observar una trayectoria en forma de curva, que está determinada por tres fases: fase inicial ascendente, pico de producción y fase descendente (persistencia); el estudio de la curva de lactancia se hace relevante ya que puede variar de un animal a otro por diferentes factores. **Objetivo:** identificar el número de factores en que se divide la curva de lactancia en Lucerna y sus cruces y su asociación con el componente racial y la estación de parto. **Métodos:** se utilizaron registros de PL mensual de 309 primeras lactancias de vacas Lucerna y sus cruces a 10 meses de producción, pertenecientes a la Reserva Natural el Hatico (Valle del Cauca). Fue utilizado el análisis de factores (AF) con el fin de identificar nuevas variables que resumieran las PL a lo largo de la lactancia en un conjunto menor de variables. Las cargas de los factores estimadas para cada animal fueron utilizadas para verificar la existencia de diferencias significativas entre componentes raciales (CR) (CR1: <50% Lucerna, CR2: 50-74% Lucerna, CR3: 75-99% Lucerna y CR4: 100% Lucerna) y época de parto (EP) (Diciembre-Febrero= EP1, Marzo-Mayo= EP2, Junio-Agosto= EP3 y Septiembre-Noviembre= EP4). **Resultados:** fueron identificados dos factores (F1 y F2), siendo que en el F2 quedaron incluidas las producciones de leche de los 5 primeros meses y en el F1, producciones de los meses 6 al 10. Fueron constatadas diferencias significativas ($p < 0,05$) entre CP2 con CP1 y CP4 y entre EP1 con EP3 y EP4 y entre EP2 con EP3, para las medias de F2; las mayores estimativas medias encontradas para F2 fueron observadas para CR1 Y CR4, y para EP1 y EP2; para F1 no hubo diferencias significativas entre los CP y las EP. **Conclusiones:** las PL a lo largo de la lactancia pueden ser agrupadas en dos factores; los CR y las EP son responsables de que exista diferencia en el nivel de PL en la primera mitad de la lactancia, con mayores niveles de producción ligados a vacas Lucerna y vacas con 50% componente Lucerna.

Palabras clave: época de parto, factores asociados a producción de leche, producción de leche mensual.

Keywords: factors associate with milk yield, parity season, test day milk yield.

Análisis de la diversidad genética de porcinos criollos del Pacífico colombiano*

Analysis of genetic diversity of creole pigs in Pacific region, Colombia

Julia V Arredondo Botero¹, Zoot, cPhD; Jaime E Muñoz Florez¹, IA, PhD; Luis E Arenas M, IA; Moisés Mosquera², IA; Esildo Pacheco², Abg; Luz A Álvarez Franco¹, Zoot, MSc, PhD.

*Proyecto "Caracterización de los sistemas de producción tradicional, la morfología y la diversidad genética de porcinos criollos en la Región Pacífica colombiana" financiado por COLCIENCIAS, la Universidad Nacional de Colombia-Sede Palmira y el Instituto de Investigaciones Ambientales del Pacífico- IIAF. ¹Grupo de Investigación en Recursos Zootenéticos, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Palmira Colombia. ²Instituto de Investigaciones Ambientales del Pacífico Jonh Von Neumann- IIAF.
Email: laalvarezf@unal.edu.co

Introducción: los porcinos criollos del Pacífico Colombiano son fundamentales para la seguridad alimentaria de comunidades rurales de la región, tienden a desaparecer y aun no han sido estudiados, los marcadores microsatélites son una herramienta ampliamente utilizada para conocer su diversidad genética. **Objetivo:** caracterizar la diversidad genética de una muestra de porcinos criollos

del Pacífico colombiano, mediante el uso de marcadores microsatélites y compararlo con las razas Zungo, Casco de mula y San Pedroño. **Métodos:** mediante recorridos por los departamentos del Chocó, Valle del Cauca, Cauca y Nariño, se obtuvo una muestra de 125 individuos no emparentados (64 del Chocó, 27 de Nariño y 33 de Cauca). Se realizaron ampliaciones con los microsatélites Sw386, Sw911, S0178, Sw936, Sw240, Sw632, S0225, S0226, S0005, Sw72, Sw72, S0002, IGF1, S0101 y SW857, junto con muestras de las razas criollas colombianas (48 Zungo, 23 Sampredreño y 13 Casco de Mula), con 16 muestras de cerdos ibéricos y 20 de una raza comercial. Los productos amplificados fueron sometidos a electroforesis vertical en geles de poliacrilamida al 4%, visualizando las bandas con tinción con nitrato de plata, usando un marcador de peso molecular de 10pb. Se realizará el análisis estadístico a partir de las frecuencias genotípicas, se determinarán parámetros como el contenido de loci polimórfico (PIC) y la riqueza alélica, la Heterocigosidad observada (Ho), Heterocigosidad esperada (He) y el Índice de Fijación (Fis) o coeficiente de consanguinidad. Se realizará el test de desviación del equilibrio de Hardy-Weinberg de las frecuencias genotípicas y las diferencias en las heterocigosidades medias entre grupos mediante análisis de varianza. Se analizará la estructura de la población, a través del estudio de los F-estadísticos y el Rst estimador de la diferenciación poblacional. A partir de la distancia insesgada de Nei (1978) se construirán matrices de distancia y dendrogramas. **Resultados:** a partir del análisis realizado, se espera obtener información que complemente el conocimiento sobre los cerdos criollos colombianos. **Conclusiones:** este tipo de estudios es fundamental para el reconocimiento de recursos zogenéticos que están adaptados a condiciones extremas y son base de la seguridad alimentaria de poblaciones aisladas.

Palabras clave: diversidad genética, equilibrio de Hardy-Weinberg, microsatélites.

Key words: genetic diversity, Hardy-Weinberg equilibrium, satellite.

Análisis de la estructura genética del gen de la leptina de vacas Holstein en el departamento de Antioquia

Analysis of the genetic structure of the leptin gene of Holstein cows in the department of Antioquia

Mario A Posada Zapata¹, Zoot, cMSc; Albeiro López Herrera², Zoot, MV, MSc, DrSci; José J Echeverri Zuluaga², Zoot, MSc, PhD.

¹Universidad Nacional de Colombia sede Medellín, Grupo BIOGEM. ²Profesor Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Facultad de Ciencias Agrarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEM. Email: maposada@unal.edu.co

Introducción: las lecherías son sistemas muy complejos, ya que para su manejo se involucran parámetros productivos, reproductivos y económicos. El gen de la leptina está involucrado en este proceso. Uno de sus polimorfismos ha sido identificado y relacionado con características de desempeño reproductivo, por lo que se hace importante el analizar cuál es la estructura genética de las vacas de lecherías en nuestro departamento. **Objetivo:** estimar algunos parámetros de la estructura poblacional para el polimorfismo del intrón 2 del gen de la leptina, en una población de vacas Holstein del departamento de Antioquia. **Métodos:** en la investigación fueron usadas 480 vacas de la raza Holstein ubicadas en trece (13) hatos de seis (6) municipios del departamento de Antioquia; se les tomo una muestra de sangre periférica para obtener DNA mediante la técnica de Salting Out y genotipificados a partir de la técnica PCR-RFLP. Se hallaron las frecuencias génicas y genotípicas y se determinó el equilibrio de Hardy Weinberg y además se establecieron los diferentes estadísticos F (FIT, FIS, FST) para estudiar la reducción en heterocigosis y cuantificar el nivel de diferenciación genética entre subpoblaciones; mediante el software Arlequin 3.5.1.2. **Resultados:** se encontraron frecuencias de 0,83 y 0,17 para A y B respectivamente. Las frecuencias genotípicas 0,71, 0,23 y 0,06 para AA, AB y BB respectivamente. Para el análisis de equilibrio de Hardy Weimberg; incluyendo todos los animales se encontró que la población está en desequilibrio para el gen de la leptina, encontrándose diferencia significativa entre la heterosis observada y la esperada. Los estadísticos F tuvieron los siguientes resultados FIS 0,21466 (p 0,00), FST -0,00045 (p 0,82600) y FIT 0,21430 (p 0,00). **Conclusiones:** se encontraron dos poblaciones en desequilibrio de Hardy Weimberg, el resto están en equilibrio. FIS indica endogamia media alta, la población tiende a la endogamia, FST no hay estructura de la población (se comporta como una sola) y FIT media alta, población tendiente a la endogamia. Posiblemente hay selección indirecta para este gen y como tal se presenta una ruptura del equilibrio de Hardy Weimberg en algunas poblaciones posiblemente debido al aumento de la endogamia.

Palabras clave: asociación, genotipificación, Hardy Weimberg, reproductivo.

Key words: association, genotyping, Hardy Weimberg, reproductive.

Aproximación a la caracterización genética de polimorfismos de los genes calpaina (capn1) y calpastatina (cast) bovina

Approach to the genetic characterization of bovine calpain(capn1) and calpastatin (cast) gene polymorphisms

Jorge E Gallo Bohórquez, MVZ, MSc; Susan L Castro Molina, Bact; Fernando Ariza Botero, BvSc, MSc, PhD.

¹Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, FMVZ, Grupo Genética Molecular Animal. Email: jemgallo@ut.edu.co

Introducción: la competitividad de la ganadería Colombiana está ligada a la participación en mercados exigentes, en donde la terneza es el principal carácter que define el comportamiento de consumo. Los métodos clásicos de mejoramiento genético son complementados por técnicas moleculares que permiten la selección de los genotipos requeridos; donde la caracterización poblacional de polimorfismos genéticos moleculares asociados al carácter de interés permitirá orientar el uso de los recursos genéticos evaluados. **Objetivo:** determinar las frecuencias alélicas, genotípicas, heterocigosidad y equilibrio poblacional de los marcadores C530, C316, C4751, C5331 del gen CAPN1 y Calpas1, CAPN3, CAPN2870, y CAST2-282 del gen calpastatina. **Métodos:** la población base del estudio consiste en 39 familias de medios hermanos paternos, procedentes de las razas: Brahman, Guzerat, Normando, Braunvieh, Simmental, Limousine, BON y Romosinuano. Se asignaron 25 vacas de la raza Brahman comercial por toro, sometidas a protocolos de Inseminación a Tiempo Fijo. Muestras de ADN fueron obtenidas a partir de la sangre de los individuos F1 y sometidas a protocolos para la detección de polimorfismos de nucleótido simple mediante las técnicas de RFLP (polimorfismos en la longitud de los fragmentos de restricción); para los marcadores C316, C530, CAST/XMnI, CAST A2959G, CAST 282 y CAST 2879 y SSCP (Polimorfismo de conformación de la cadena simple) para los marcadores C4751 y C4753. Los análisis de los datos generados en 196 animales F1 para cada marcador fueron analizados mediante el uso del software Info-Gen. **Resultados:** se obtuvieron las frecuencias para los alelos de los marcadores evaluados; para el alelo A los resultados fueron los siguientes: C530 (0,813), C316 (0,046), C4751 (0,68), C5331 (0,929), C4753 (0,56), CAST 1/XMNI (0,63), CAST 2959 (0,64), CAST 2870 (0,38) y CAST 282(0,64). Las frecuencias genotípicas variaron desde 0,027 para el genotipo BB del marcador C4751; hasta 0,91 para el marcador C316, el cual presenta el menor valor para heterocigosis (0,09). Los marcadores se encuentran en equilibrio de Hardy-Weinberg. **Conclusiones:** a pesar de que los marcadores C316, C4751 y C5331 presentan bajas frecuencias; la variabilidad de los marcadores evaluados brindan amplias perspectivas para su uso en programas de mejora genética.

Palabras clave: calpaina, calpastatina, frecuencias génicas.

Key words: calpain, calpastatin, gene frequencies.

Características de la hembra cuy que afectan el desempeño productivo de la camada

Characteristics of the female guinea pig that affect the productive performance of litter

Sneider Villamil¹, Zoot; Diana M Parra¹, Zoot; Yesid Avellaneda², Zoot, MSc.

¹Universidad de Cundinamarca. ²Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria CORPOICA. Email: yesoyesid@gmail.com

Introducción: actualmente la producción de cuyes ha tomado gran importancia por su ciclo reproductivo corto, fácil adaptación, alta prolificidad y calidad de carne, sin embargo, se presentan bajos índices productivos debido a malas prácticas de manejo. **Objetivo:** evaluar el efecto de la raza del cuy (*Cavia porcellus*) y el peso de la hembra a la primera monta, sobre el desempeño productivo de sus crías. **Métodos:** en este estudio se evaluaron las razas Andina, Perú y Remolino y tres pesos corporales en las hembras al momento del primer empadre, 800 g (livianas), 950 g (medianas) y 1100 g (pesadas). Se constituyeron grupos compuestos por 3 hembras (misma raza y peso) y 1 macho (misma raza), que se alojaron conjuntamente y fueron alimentados con concentrado comercial, pasto de corte y agua *ad libitum*. El desempeño de la camada se evaluó en los dos primeros partos, pesando los gazapos al nacimiento, al destete y cada 4 días hasta el sacrificio. Los datos fueron analizados como un diseño factorial de 3x3, a través

del paquete estadístico SAS, versión 9.0. **Resultados:** se registró ($P < 0,05$) un mayor número de crías y peso de la camada al nacimiento en las hembras pesadas (493 ± 76 g), frente a los otros tamaños corporales (386 ± 53 g y 388 ± 40 g, para livianas y medianas, respectivamente). De igual manera, el peso al destete y sacrificio fue ($P < 0,05$) superior en las crías de hembras pesadas (383 ± 30 g y 1280 ± 40 g, para destete y sacrificio respectivamente) frente a hembras livianas (323 ± 30 g y 1226 ± 56 g, para destete y sacrificio, respectivamente); paralelamente, crías de la raza Perú mostraron ($P < 0,05$) mayor peso al destete y sacrificio (381 ± 32 g y 1274 ± 30 g, para destete y sacrificio, respectivamente) comparado con individuos de la raza Remolino (329 ± 32 g y 1206 ± 46 g, para destete y sacrificio, respectivamente). **Conclusión:** la raza y el peso de la hembra del cuy afectan los parámetros productivos de las crías, observándose mayores registros para crías de hembras pesadas o de la raza Perú.

Palabras clave: *destete, gazapos, monta, raza.*

Key words: *breed, mating, rabbits, weaning.*

Caracterización de valores zoométricos en Camuras (*Ovis aries*) en el municipio de Sabana de Torres Santander

Characterization of zoometrics values in Camuras in the municipality of Sabana de Torres Santander

Rodolfo Ruiz Posada, Zoot, Esp; Jorge H Contreras, Biol Mar, Esp; Norberto Villa Duque, MVZ, MSc; Diana C Olarte, Est MVZ.

¹Grupo de Investigación en Producción y Ciencia Animal (PROCA), Escuela de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Instituto Universitario de la Paz, Barrancabermeja.

Email: norvidu@hotmail.com

Introducción: la zoometría permite estudiar las formas de los animales mediante mediciones corporales porque cuantifica dicha conformación, estableciendo medidas concretas y su variación normal para una determinada raza o población. Esta investigación se realizó en un aprisco ubicado en el Magdalena Medio Santandereano, donde predominan valores altos de temperatura (> 28 °C) y humedad ($> 70\%$). **Objetivo:** caracterizar los valores zoométricos en camuras mayores de un año en cinco factores específicos; altura de la cruz (AC), peso (P), longitud del animal (LA), perímetro torácico (PT) y ancho de lomo (AL). **Métodos:** teniendo en cuenta los registros individuales y características fenotípicas relacionadas con la raza, de una población ovina de 485 animales, se seleccionaron 100 ovejas de pelo criollas (camuras), mayores de un año, vacías y con condición corporal entre 3 y 3.5. Las camuras se clasificaron según la edad en tres grupos; tratamiento 1 (1 a 2 años), tratamiento 2 (2 a 3 años) y tratamiento 3 (mayores de 3 años), respectivamente el número de animales por grupo fue de 15, 19 y 66. Las mediciones fueron realizadas con cinta métrica y balanza electrónica sobre animales vivos, sin utilizar técnicas invasivas. Los resultados se sometieron a la prueba de hipótesis mediante el ANAVA y prueba de Tukey, e igualmente, a la correlación entre las diferentes variables, para lo cual se utilizó el paquete estadístico SPSS 19.0. **Resultados:** la media poblacional, de cada variable para los 100 animales, presentó los siguientes resultados: P 32,4 kg, PT 78,2 cm, AC 62 cm, LA 61,9 cm, AL 16,4 cm. El tratamiento 3 difirió significativamente ($p < 0,05$), de los dos tratamientos restantes en las variables P y PT. El coeficiente de correlación más alto (0,81), se obtuvo entre P:PT y el coeficiente de correlación más bajo (0,385), entre LA:AL. El número limitado de camuras en los tratamientos 1 y 2, está relacionado con el aumento de los cruzamientos con otras razas. **Conclusiones:** la edad tuvo una alta influencia sobre las variables peso y perímetro torácico. Los resultados obtenidos en el presente trabajo muestran valores similares a los reportados a nivel nacional para camuras y ovejas de la raza Pelibuey.

Palabras clave: *corporales, medidas, ovejas de pelo.*

Key words: *body, hair sheep, measures.*

Caracterización fisiológica y genética para atributos de adaptación a estrés ambiental en cuatro razas criollas colombianas

Physiological and genetic characterization for attributes of adaptation to environmental stress in four Colombian Creole Cattle Breeds

Diego H Bejarano Garavito¹, Zoot; Rodrigo A Martínez Sarmiento¹, Zoot, PhD; Jaime Cardozo Cerquera¹, MVZ, PhD; Carlos E Lucero¹, Zoot, PhD; Diego Ortiz Ortega¹, MV, PhD; Juan F Martínez Rocha¹, MV; Yolanda Gómez Vargas¹, MV; Diego G Ahumada¹, MV; Yesid Abuabara¹, MVZ; Guillermo Onofre¹, MVZ; Jaime León Gallego¹, MV; Julián Ramírez², Zoot, MSc; Juan Carlos Fernández¹, MV; Omar A Rodríguez², Zoot.

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (CORPOICA)

Email: dhbejarano@hotmail.com

Introducción: las variaciones en las condiciones ambientales se manifiestan en cambios en las respuestas fisiológicas del animal, las cuales se pueden cuantificar para determinar el grado de adaptación del individuo al ecosistema. **Objetivo:** evaluar el grado de adaptación de las razas criollas BON, ROMO, Costeño con Cuernos (CCC) y Sanmartinero (SM) a las condiciones ambientales del trópico bajo colombiano. **Métodos:** en una población de 1000 animales se midió la temperatura corporal y la frecuencia respiratoria, se tomó información de condiciones ambientales, para estimar el índice Temperatura-Humedad (ITH), el coeficiente de adaptabilidad (CA) y el índice de tolerancia al calor (CTC), finalmente se estimó la heredabilidad (h^2) y se realizaron análisis de asociación genómica para identificar polimorfismos de nucleótido simple (SNP) con efecto significativo sobre características de adaptación. **Resultados y Conclusiones:** el promedio de ITH fue mayor a 80 puntos, valor que indica un riesgo para los *Bos taurus*, sin embargo la mayoría de los bovinos criollos evaluados lograron mantener sus variables fisiológicas dentro de rangos normales a pesar de los incrementos en el ITH. La raza ROMO presentó el mejor valor promedio para el CA ($1,97 \pm 0,2$), mientras que las razas CCC y SM presentaron los valores promedio más altos ($2,01 \pm 0,22$ y $2,01 \pm 0,18$), estos valores indican un buen nivel de adaptación. La raza BON presentó el mejor valor promedio para el CTC ($100,16 \pm 3,82$) mientras que el menor valor promedio lo tuvo la raza SM ($98,05 \pm 4,45$). Todas las razas evaluadas presentaron valores altos para el CTC, lo cual indica que tienen la capacidad de mantener su TC dentro de un rango fisiológico normal frente a incrementos fuertes en la temperatura ambiental. Los valores de h^2 para CA (0,08) y el CTC (0,09) se consideran intermedios. En el análisis de asociación genómica se encontró que los cromosomas 1, 12, 25 y 28 presentan un número importante de SNP con efecto significativo sobre el CTC, por lo tanto es probable que en estos cromosomas se ubiquen algún QTL relacionados con tolerancia al calor. En el caso del CA los SNP's que mostraron tener un mayor efecto sobre esta característica se encuentran ubicados en los cromosomas 9, 11, 15 y 19.

Palabras clave: *adaptabilidad, heredabilidad, selección genómica, tolerancia al calor.*

Key words: *adaptability, genomic selection, heat tolerance, heritability.*

Caracterización genética de ovinos en Colombia*

Genetic characterization of sheep in Colombia

Ricardo Ocampo Gallego, Biol, cMSc; Henry Cardona Cadavid, Zoot, MSc, Dr; Mario Cerón Muñoz, Zoot, MSc, Dr.

*Proyecto "Caracterización genética de ovinos en Colombia por medio de marcadores microsatélites", financiado por CODI Universidad de Antioquia (Código 2012-5019) y CODI-UdeA Sostenibilidad 2011-2012. ¹Grupo de investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal (GaMMA), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Email: ricardo.ocampo23@gmail.com

Antecedentes: la ovinocultura es una buena alternativa de producción agropecuaria debido a la suma de cualidades que tiene la especie y las condiciones favorables que presenta el mercado debido a su creciente demanda; esta situación convierte a los ovinos en una de las especies con más perspectiva en Colombia. Actualmente la diversidad genética en los ovinos colombianos es desconocida y además se presumen altos niveles de consanguinidad por la poca utilización de registros genealógicos y al uso de reproductores nacidos en la misma granja. Por esto es necesario implementar pruebas precisas basadas en marcadores de ADN para la caracterización de su diversidad genética y estimar los niveles de consanguinidad de las poblaciones. **Objetivo:** determinar la diversidad genética y genotípica de las poblaciones ovinas colombianas a través de marcadores moleculares microsatélites. **Métodos:** en una muestra de 610 ovinos se amplificará por PCR un panel de 12 microsatélites (recomendados por la FAO). Para determinar la variabilidad genética se analizarán parámetros como la endogamia (Fis y Fit), la estructuración genética (Fst), la heterocigosidad observada (Ho) y esperada (He), el número promedio de alelos (NPA) y el contenido de información polimórfica

(CIP). También se realizaron pruebas de equilibrio de Hardy-Weimber (EHW) y se estimará el poder de exclusión (PE) de cada marcador para realizar pruebas de filiación. **Resultados:** se visitaron 56 fincas en los departamentos de Antioquia, Boyacá, Caldas, Cesar, Córdoba, Guajira, Magdalena, Risaralda, Santander, Sucre y Valle del Cauca. Se seleccionaron 610 individuos de las razas criollas, además de las razas foráneas Katahdin, Dorper, Pelibuey, Santa Inés, Dorset, Hampshire, Corriedale. A cada individuo se le extrajo el ADN con un kit comercial a partir de una muestra de sangre (7ml), obteniéndose una concentración promedio de ADN de 120,16 ng/μl (D.S= 73.10) y pureza promedio de 1,87 (Absorbancia 260/280). Las condiciones de PCR para cada microsatélite fueron estandarizadas con 5 animales criollos. Todos los marcadores mostraron ser polimórficos (promedio de 4,5 alelos/marcador). Próximamente se realizará la genotipificación de todos los animales y sus respectivos análisis genéticos. **Conclusiones:** los resultados de este proyecto generarán nuevo conocimiento entorno a la diversidad genética de los ovinos en el país.

Palabras clave: ADN, diversidad genética, oveja criolla, STR.
Key words: creole sheep, DNA, genetic diversity, STR.

Caracterización molecular de bovinos de razas criollas colombianas a través de marcadores microsatélite y polimorfismos de nucleótido simple

Molecular characterization of Colombian creole cattle breeds by microsatellite and single nucleotide polymorphism markers

Juan F Martínez Rocha¹, MV; Diego H Bejarano Garavito¹, Zoot; Rodrigo A Martínez Sarmiento¹, Zoot, PhD; Yolanda Gómez Vargas¹, MV; Carlos E Lucero Casanova², MV, PhD; Diego G Ahumada¹, MV.

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (CORPOICA, Centro De Biotecnología Y Biotecnología (CBB). ²Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (CORPOICA), Centro de Investigación Tibaitatá.
Email: juanfelipemrocha@gmail.com

Introducción: los bovinos criollos presentan una adaptación particular a las condiciones del trópico. Durante las últimas décadas han sufrido un proceso de absorción genética con razas cebuinas, lo que ha llevado a reducir drásticamente el número de individuos. **Objetivo:** desarrollar estrategias de caracterización que permitan el uso de este recurso animal. **Métodos:** se genotiparon 580 animales de las razas criollas Rosomunano, Sanmartinero, Blanco Orejinegro, Casanare, Hartón del Valle, Costeño con Cuernos y se compararon con poblaciones de animales de las razas Cebú y Holstein, utilizando 24 marcadores tipo STR. También se obtuvo el genotipo de 11 marcadores SNP relacionados con características de calidad de carne y 36 machos genotipados por secuencia de un fragmento del Cromosoma Y. **Resultados:** en las poblaciones de razas criollas se encontraron altos índices de variabilidad genética con un número promedio de alelos (7,94), superior a la raza Holstein (4,6) pero similar a lo encontrado en la raza Cebú (8,3). En las razas criollas los valores de Fis fueron inferiores a 0,07, indicando un bajo nivel de homocigosis. El análisis de estructura poblacional indicó una diferencia en las frecuencias alélicas entre las razas criollas y razas cebuinas evaluadas. Por otra parte, en el análisis de marcadores en cromosoma Y, el haplotipo Y1 se encontró fijo en las razas CCC y ROMO, y el haplotipo Y2 en las razas SM, HV y BON, indicando una posible diferenciación en el origen genéticos de estos grupos raciales. Finalmente se genotiparon marcadores tipo SNP localizados en genes relacionados con características de importancia económica CAPN316 y CAPN530, Miostatina (MSTN), Leptina, receptor de la calcitonina (CALCR), Calpastatina (CAST), GH RELINA, PEGB, ACAD, RORC e IGF2. Se encontró que los animales criollos poseen alelos deseados para algunos marcadores asociados con calidad de la carne, sin embargo es importante resaltar que las poblaciones de animales evaluadas no han sido seleccionadas. **Conclusiones:** la estimación de las frecuencias alélicas para genes de importancia económica permite construir esquemas de selección asistida por marcadores, los cuales deben estar acompañados por estudios de variabilidad que permitan monitorizar la estructura genética de las poblaciones de bovinos criollos en conservación.

Palabras clave: calidad de carne, microsatélites, polimorfismo genético, variabilidad genética.

Key words: genetic polymorphism, genetic variability, meat quality, microsatellite.

Caracterización morfológica de porcinos criollos en la Región Pacífica colombiana*

Morphological characterization of creole pigs in the Pacific Region of Colombia

Julia V Arredondo Botero¹, Zoot, cPhD; Jaime E Muñoz Florez¹, IA, PhD; Luis E Arenas M, IA; Moisés Mosquera², IA; Esildo Pacheco², Abg; Luz A Álvarez Franco¹, Zoot, MSc, PhD.

*Proyecto "Caracterización de los sistemas de producción tradicional, la morfología y la diversidad genética de porcinos criollos en la Región Pacífica colombiana" financiado por COLCIENCIAS, la Universidad Nacional de Colombia-Sede Palmira y el Instituto de Investigaciones Ambientales del Pacífico- IIAF. ¹Grupo de Investigación en Recursos Zoogenéticos, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Palmira Colombia. ²Instituto de Investigaciones Ambientales del Pacífico Jonh Von Neumann- IIAF.
Email: laalvarezf@unal.edu.co

Introducción: los porcinos criollos del Pacífico colombiano son un recurso zoogenético fundamental para las comunidades rurales, pero desconocido morfológicamente. **Objetivo:** caracterizar morfológicamente una muestra de porcinos criollos del Pacífico colombiano. **Métodos:** en 89 animales adultos de Chocó, Cauca y Nariño se midieron 14 variables: alzadas a la cruz (ALC) y a la grupa (ALG), diámetro longitudinal (DL), longitudes de frente (LF), hocico (LH), oreja (LO) y grupa (LG), anchuras de cabeza (ANC), oreja (AO), grupa (ANG) y hocico (AH), perímetro torácico (PT) y de la caña (PC) y distancia interorbital (DI); se estimaron los índices zoométricos (IZ) de proporcionalidad (IPr), cefalico (Ice), facial (IF), corporal (IC) y pelviano (IP) y se determinaron 10 variables cualitativas. **Resultados:** en la población total (Promedio en cm) 59,60, 65,19; 75,45; 15,85; 13,86, 20,02; 24,17; 13,14; 13,69; 17,91; 7,91; 90,41; 15,67 y 7,44, respectivamente. Se presentaron coeficientes de variación medios a altos. En Nariño hay mayor formato corporal. Según Análisis de Componentes Principales, los dos primeros componentes explican el 73% de la variabilidad, las variables que más influyen en el componente principal uno son PT, ALG y LG y en el componente principal dos, LH y DI. Según las Distancias de Mahalanobis, hay más cercanía entre individuos de Cauca y Nariño. Chocó presenta 90,24% de individuos clasificados en su procedencia original. Los índices presentaron menor variación, todos los machos y solo las hembras en Chocó son brevilineos (IC inferior al 86%), las hembras en Nariño mesolíneas (IC entre 86-88%) y en Cauca longuilíneas (IC superior al 88%); en Chocó, el IPr es significativamente superior (86,32% y 83,01%), el Ice inferior (39,49% y 36,86% para machos y hembras, respectivamente) y predominio del hocico sobre longitud de cabeza (dolicocefalia); en Cauca y Nariño los cerdos son mesocefalos. El mayor IP está en Chocó (mayor predominio de anchura sobre longitud de la pelvis). Predomina pelaje negro, perfil Subconvavilíneo, oreja céltica, mucosas y pezuñas manchadas, oscuras y claras, pezuñas hendidas, cola recta, 12 pezones en promedio y ausencia de mameles. En Chocó las condiciones climatológicas, aislamiento geográfico y manejo han influido en un morfotipo claramente diferenciado. **Conclusiones:** las características morfológicas evidencian la existencia de un grupo bien diferenciado en Chocó, es necesario profundizar en análisis genéticos y productivos sobre este recurso zoogenético.

Palabras clave: dolicocefalia, mesocefalia, morfología.
Key words: dolichocephaly, mesocephaly, morphology.

Caracterización morfológica del ovino criollo colombiano en el departamento del Huila*

Morphological characterization of the colombian creole sheep in department of Huila

Santiago Ángel Botero, MVZ, MSc; Andrés Ramírez Capera, MVZ.

*Proyecto "Barimetría en sistemas de producción ovina", financiado por el centro de investigaciones Corhuila. ¹Grupo de Investigación de las Ciencias Pecuarias - KYRON, Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Corporación Universitaria del Huila - CORHUILA, Neiva, Colombia.
Email: santiangel@yahoo.com

Introducción: el ovino de pelo criollo colombiano no tiene características definidas de selección y actualmente se encuentra amenazado por el cruzamiento

de su material genético con otras razas productoras de carne. La evaluación de las ovejas se ha basado en estándares fenotípicos originados a partir de datos foráneos, olvidando que esas razas han tenido un proceso de adaptación a nuestro medio, el cual no se ha cuantificado mediante procedimientos estadísticos para evaluación genética y fenotípica, que sirvan de base para hacer una selección más eficiente. **Objetivo:** realizar la caracterización racial del ovino criollo colombiano. **Métodos:** se evaluaron 398 hembras adultas de ovinos de pelo criollo colombiano, provenientes de 8 diferentes fincas del norte del departamento del Huila (Colombia). Se determinó 5 medidas morfológicas a partir de las cuales se calcularon 2 índices zoométricos: corporal, proporcionalidad. **Resultados:** las medidas tomadas con sus respectivos promedios y desviaciones estándar para las hembras adultas fueron: perímetro torácico (82,7 cm \pm 5,6), perímetro abdominal (96,1 cm \pm 8,4), largo del cuerpo (66,6 cm \pm 5,4), alzada (66,3 cm \pm 4,8) y largo espiral (138,4 cm \pm 11,1). Del análisis estadístico descriptivo se observó presentaron un rango de variación entre 6,8% y 8,7%. Respecto a los índices zoométricos las camuras se caracterizaron por ser brevilíneas (índice corporal=70 \pm 5,8), de volumen elipométrico, con un perfil cefálico convexilíneo y con un índice de proporcionalidad media (100 \pm 7,5). **Conclusiones:** este trabajo pretende contribuir a la generación de estrategias de selección genética de los ovinos de pelo criollos colombianos, permitiendo la disminución de la presión de razas foráneas.

Palabras claves: características zoométricas, fenotipo, ovinocultura.

Key words: phenotypic, sheep breeding, zoometric parameters.

Caracterización morfológica e índices zoométricos de la hembra ovina criollo-Camura colombiana

Morphological characterization and zoometrical indexes of Camura female creole sheep colombian

Javier Moreno Meneses¹, Zoot; Donicer Montes Vergara^{1,2}, MSc; Naudin Hurtado Lugo², MSc; J Ueros Porras¹, Zoot; José Cardona Álvarez², MSc.

¹Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Sincelejo, Colombia. ²Facultad de Ciencias Agrarias y Veterinarias, Universidad Estadual Paulista, Jaboticabal (UNESP), SP, Brasil.

³Universidad de Córdoba, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Email: donicer.montes@unisucre.edu.co

Introducción: la morfología externa es una de las ramas clásicas del saber de las ciencias pecuarias, presentando acelerada evolución en los últimos años, tanto en concepto, como en su aplicación. **Objetivo:** establecer la variabilidad morfoestructural de la hembra ovina de pelo criollo-Camura, mayores a 2 años de edad, en la sub-región Sabana y Golfo de Morrosquillo, a través de medidas zoométricas, índices funcionales, etnológicos y peso corporal. **Métodos:** fueron utilizadas 311 hembras, pertenecientes a 8 fincas, durante el año 2011, se tomaron 27 medidas zoométricas. Fueron realizados análisis de componentes principales mediante prueba de Monte Carlo (función beetwen). **Resultados:** la media y desviación estándar estimados fueron: Alzada a la Cruz 64,6 \pm 4,5; Profundidad-Pecho 31,5 \pm 3,2; Altura- Esternón 35,1 \pm 2,8; Alzada-Dorso 63,6 \pm 4,1; Alzada-Lomo 61,7 \pm 4,1; Alzada-Grupa 63,5 \pm 5,1; Alzada Nacimiento de la cola 59,1 \pm 3,9; Alzada-Isquion 53,9 \pm 3,5; Alzada-Corvejón 25,7 \pm 1,7; Altura anterior de la espalda 44,1 \pm 2,9; Longitud-Tronco 88,7 \pm 8,2; Longitud-Dorso 21,1 \pm 1,3; Longitud escapulo-isquiática 58,6 \pm 4,4; Longitud-Grupa 19,0 \pm 1,8; Longitud-Cara 20,6 \pm 1,7; Longitud-Frente 11,2 \pm 1,5; Longitud-Cabeza 23,2 \pm 1,4; Perímetro Torácico 71,9 \pm 6,2; Perímetro-Caña 7,1 \pm 0,7; Anchura anterior del Pecho 17,9 \pm 2,3; Anchura posterior del Pecho 15,3 \pm 2,1; Anchura-Grupa 16,9 \pm 1,8; Anchura posterior-Grupa 14,4 \pm 1,7; Anchura anterior-Grupa 11,6 \pm 2,0; Anchura entre orbitas 10,6 \pm 1,1; Anchura inferior -Frente 6,1 \pm 1,5; Anchura Superior-Frente 10,0 \pm 1,0, y Peso Vivo 30,2 \pm 5,5. Para todas las características el coeficiente de variación fue inferior a 18,5. Donde las medidas fueron expresadas en cms, a excepción del Peso Vivo, dado en kg. La muestra de ovejas evaluadas se caracterizó por mostrar líneas dorso-lumbares descendentes hacia la grupa. Las medidas de Anchura de la Grupa, Anchura posterior de la grupa, Anchura anterior de la Grupa y Longitud de la grupa, proporcionaron datos de interés en la diagnosis racial y orientación productiva, el índice cefálico, corporal y pelviano permitieron clasificar estas hembras como animales con tendencias a la dolicocefalia, brevilíneas, y grupa convexilíneas. **Conclusión:** la caracterización obtenida, puede ser aplicada en la estandarización racial y criterios de selección morfoestructurales, el análisis de los índices permitió determinar que la Camura, presenta inclinación hacia la producción cárnica.

Palabras clave: estandarización, producción, peso, variabilidad.

Key words: production, standardization, variability, weight.

Caracterización racial del ganado Holstein antioqueño y su asociación con parámetros reproductivos

Breed characterization of Antioquian Holstein cattle and its association with reproductive traits

Stephania Madrid Gaviria, Zoot; Julian Echeverri Zuluaga, Zoot, MSc, PhD.

¹Grupo de Investigación en Biodiversidad y Genética Molecular (BIOGEM), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín. Email: smadrig@unal.edu.co

Introducción: las características de conformación han sido relacionadas con parámetros reproductivos y pueden ser usadas como indicadores de estos. Estas características aparecen más rápido en la vida que las reproductivas, lo cual permite hacer una selección más rápida de los animales más prolíficos. **Objetivo:** realizar una caracterización racial del ganado Holstein Antioqueño mediante la evaluación de las características de conformación y estimar su asociación fenotípica con los parámetros reproductivos, **Metodología:** se analizaron 8037 registros de vacas Holstein provenientes de 139 hatos en Antioquia. Los datos fueron obtenidos de un programa de control lechero realizado entre los años 2008 y 2011. La caracterización racial se realizó mediante tablas de contingencia. La asociación con parámetros reproductivos se llevó a cabo con un modelo lineal generalizado, un análisis de regresión y la determinación del coeficiente de correlación de Pearson. **Resultados:** los resultados mostraron que la mayoría de la población (89,41%) presentó una alta calificación en conformación corporal. La población mostró una conformación de patas de calificación media (43,46%) o alta (44,85%). Respecto a la conformación de la ubre, el 82,2% de la población Holstein tuvo una calificación generalmente alta. Las características que mostraron un efecto significativo sobre los parámetros reproductivos fueron las relativas a la conformación del cuerpo y a la condición estructural de la ubre, denominadas compuesto corporal y de ubre; además de angulosidad, estatura y ancho de la ubre posterior. El mayor coeficiente de regresión fue entre intervalo entre partos y compuesto corporal (-43,13 días), el menor fue entre servicios por concepción y ancho de la ubre posterior (-0,063). Las asociaciones fenotípicas fueron bajas o inexistentes (0,00 a 0,04). La asociación más alta fue entre servicios por concepción y ángulo de pezuña (0,04). No se encontró asociación para intervalo entre partos y vista posterior de patas. **Conclusiones:** estos resultados indican que las características de conformación pueden ser usadas en programas de mejoramiento genético como elementos adicionales de análisis para la selección de individuos superiores, y tal vez podrían ayudar a reducir el descarte involuntario debido a características físicas desfavorables.

Palabras clave: características lineares, coeficiente de regresión, correlación de Pearson, eficiencia reproductiva.

Key words: linear type traits, Pearson correlation, regression coefficient, reproductive efficiency.

Comparación de modelos matemáticos no lineales para describir curvas de crecimiento en perros

Comparison of nonlinear mathematical models to describe growth curves in dogs

Luis M Gómez Osorio¹, MVZ, MSc, cPhD; Sandra L Posada Ochoa², Zoot, MSc, PhD; Juan C Duque Saldarriaga¹, Zoot.

¹Grupo Investigación y Desarrollo Nutri-Solla, SOLL A.S.A., Medellín, Colombia.

²Grupo de Investigación en Ciencias Agrarias-GRICA, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Email: cmesapineda@gmail.com

Introducción: el estudio del crecimiento permite identificar los animales que presentan un peso óptimo para su raza. Poca información está disponible sobre los parámetros que definen las curvas de crecimiento en perros y la evaluación de los modelos no lineales que dan origen a estos parámetros. **Objetivo:** evaluar diferentes modelos matemáticos (Logístico, Gompertz, von Bertalanffy, Brody) en cuanto a su capacidad para describir las curvas de crecimiento en perros de diferente tamaño y raza. **Métodos:** los datos fueron obtenidos del Centro de Investigaciones Caninas (CIC) de la Empresa Solla S.A. (Rionegro, Antioquia, Colombia). Veinte perros, 12 machos y 8 hembras, fueron clasificados en cuatro grupos (G) con base en el peso adulto (G1: York Shire Terrier, French Poodle; G2: Fox Terrier, Teckel, Basset Hound, Beagle; G3: Golden retriever, Pointer

Alemán; G4: Labrador Retriever, Weimaraner, Pastor Alemán). Los animales recibieron alimentos completos, de las categorías Premium y Super Premium. Los pesajes de cada ejemplar se realizaron con una frecuencia quincenal y su edad fue calculada, previo registro de la fecha de nacimiento. El ajuste de los datos a cada modelo y las estimativas de los parámetros se realizaron a través del procedimiento PROC NLIN de SAS (2001). Los criterios considerados para la evaluación de los modelos fueron SCE, AIC, BIC, R² y DW. **Resultados:** no se registró diferencia estadística significativa ($p > 0,05$) en el peso asintótico (A) predicho por los diferentes modelos al interior de cada grupo (medias para G1: 2521,31; G2: 10600,19; G3: 23331,20; G4: 30426,00). El índice de madurez (K) fue superior para la función logística e inferior para las funciones de Brody y von Bertalanffy, con las que difirió significativamente ($p < 0,05$) en los grupos 2 y 3. Se registró una relación inversa entre los parámetros A y K, indicando que animales con mayores tasas de crecimiento tienen menor probabilidad de alcanzar mayores pesos en la madurez. Al interior de cada grupo no se presentó diferencia estadística significativa ($p > 0,05$) entre los criterios empleados para evaluar la capacidad de ajuste de los modelos. **Conclusiones:** todas las funciones no lineales se mostraron adecuadas para describir el crecimiento.

Palabras clave: bondad de ajuste, índice de madurez, peso asintótico, regresión no lineal.

Key words: asymptotic weight, goodness of fit, maturity index, nonlinear regression.

Comparación de modelos no lineales para descripción del crecimiento en babillas (*Caiman crocodilus fuscus*)*

Comparison of nonlinear models for growth description in *Caiman crocodilus fuscus*

Ronnal E Ortiz Cuadros¹, Zoot, cMSc; Jaime E Ortiz Cuadros¹, Zoot; Carlos A Martínez Niño², Zoot, MSc, cPhD; Felipe Ricaurte³, Gustavo A Wills¹, Zoot, MSc.

*Proyecto "Estudio de nutrición y alimentación de babillas *Caiman crocodilus fuscus* y cocodrilo aguja *Crocodylus acutus*". ¹Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. ²Department of Animal Sciences, University of Florida, Gainesville, FL, USA. ³Zoocriadero Lirica S.A.S, Puerto Salgar, Colombia. Email: royal_nba@hotmail.com

Introducción: la modelación del crecimiento como característica de interés en la producción de pieles de babilla, es una herramienta para definirlos sistemas de alimentación y el tiempo requerido para lograr la talla comercial, por tanto, la selección objetiva de modelos estadísticos que permitan una descripción adecuada de este fenómeno biológico, surge como un apoyo en la toma de decisiones productivas. **Objetivo:** evaluar y caracterizar el crecimiento de babillas *Caiman crocodilus fuscus* mediante modelos estadísticos no lineales. **Métodos:** se emplearon medidas de longitud (L) de 200 babillas desde la eclosión hasta los 24 meses de edad, con estos datos se ajustaron tres modelos de crecimiento, Gompertz (Gom) $y = a * (\exp(-\exp(b^{(c-d*edad))}))$, Gompertz modificado (Gomm) $y = a * (\exp(-\exp(b * (c * \text{edad} - c))))$ y Logístico (Log) $y = a / (1 + \exp(-c * \text{edad}))$ mediante el procedimiento NLIN de SAS 9.2. La selección del modelo se realizó mediante el cuadrado medio del error de predicción (MSPE), a partir de la regresión de los valores observados en función de los valores predichos por cada uno de los modelos no lineales evaluados. El modelo seleccionado se empleó para describir el crecimiento de los animales obteniendo parámetros de importancia como tasa de crecimiento, tasa máxima de crecimiento, fase de estructuración, entre otros. **Resultados:** Log fue descartado ya que no presentó convergencia después de 111 iteraciones, mientras que Gom y Gomm, emplearon 11 y 5 iteraciones, respectivamente. El valor de MSPE fue de 206,1 para Gom y 0,0022 para Gomm, que fue el modelo seleccionado. La fase de estructuración de las babillas se estimó en 72 días con una L aproximada de 24 cm, la mayor tasa de crecimiento estimada fue 0,06 cm, alcanzada en el punto de inflexión con una longitud de 31 cm y 460 días de edad. **Conclusiones:** el modelo que presentó el mejor ajuste según el MSE fue el Gomm que es muy empleado en pollos de engorde. Los resultados obtenidos en este estudio son la línea base en la caracterización del crecimiento para las babillas del zoocriadero Lirica S.A.S. y constituyen una herramienta de apoyo en la definición de sistemas de alimentación por fases y de tiempos de sacrificio.

Palabras clave: babillas, crecimiento, cuadrado medio del error de predicción.

Key words: caiman, growth, mean square error of prediction.

Comparación de valores de cría tradicionales y valores de cría moleculares para características productivas en vacas Holstein de Antioquia

Comparison of estimated breeding values and molecular estimated breeding values for milk production traits in holstein cows in Antioquia, Colombia

Julián Echeverri Z¹, Zoot, MSc, PhD; Juan C Zambrano², Qeo, MSc, cPhD; Albeiro López H¹, Zoot, MV, MSc, DrSci.

¹Grupo de Investigación en Biodiversidad Genética y Molecular BIOGEM, Departamento de Producción animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín. ²Grupo de Investigación en Biodiversidad Genética y Molecular BIOGEM, Estudiante de Doctorado en Biotecnología, Posgrado en Biotecnología, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín. Email: jeczambranoa@unal.edu.co

Introducción: en las últimas décadas los marcadores de DNA han sido incluidos en evaluaciones genéticas para predecir valores de cría individuales especialmente de animales jóvenes, con el objetivo de incrementar la precisión de las evaluaciones y de mejorar el progreso genético. **Objetivo:** estimar y comparar valores de cría (EBV) obtenidos por la metodología tradicional y valores de cría moleculares (MEBV) obtenidos por metodologías que incluyen marcadores moleculares. **Métodos:** fueron evaluados 193 toros Holstein y 941 vacas, basados en la información obtenida en 59 hatos localizados en Antioquia, Colombia. Dos metodologías fueron usadas para estimar valores de cría para producción de leche (PL), porcentaje de grasa (PG), porcentaje de proteína (PP) y calificación de células somáticas (CCS); BLUP para estimar EBV y MBLUP para estimar MEBV la cual incluyó tres marcadores moleculares: prolactina (PRL), kappa caseína (KC) y hormona del crecimiento bovina (bGH). Las metodologías fueron comparadas usando el coeficiente de correlación de Spearman (r) y el coeficiente de regresión lineal (b). **Resultados:** la correlaciones ($r_{EBV,MEBV}$) para PL, PG, PP y CCS fueron: 0,823; 0,783; 0,962 y 0,620. Los coeficientes de regresión lineal ($b_{EBV,MEBV}$) para las mismas características fueron: 1,20, 1,60; 1,95 y 0,0 respectivamente. **Conclusiones:** los resultados de las regresiones lineales indicaron que los valores genéticos que incluyeron marcadores moleculares presentan una desviación considerablemente alta comparadas con los valores genéticos obtenidos mediante la metodología tradicional. Sin embargo, los resultados obtenidos de los coeficientes de correlación de Spearman indican que el ranking de los toros no fue afectado y que por ende estos valores genéticos pueden ser usados en programas de evaluación genética.

Palabras clave: BLUP, coeficiente de correlación de Spearman, evaluación genética.

Key words: BLUP, genetic evaluation, Spearman correlation coefficient.

Componentes de covarianza para producción de leche en cabras de primer parto, utilizando modelos de regresión aleatoria en diferentes duraciones de lactancia*

Covariance components for milk yield in first lactation goats, using random regression models in different length lactation

Samir Julián Calvo Cardona¹, Zoot, cDr; Luis Gabriel Gonzalez Herrera², MVZ, MSc, Dr; Henry Cardona Cadavid³, Zoot, MSc, Dr; Mario Fernando Cerón Muñoz¹, Zoot, MSc, Dr.

*Financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural. Código: MADR-2008Q7542 y CODI-UdeA Sostenibilidad 2011-2012 para el grupo GAMMA. ¹Grupo de investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal (GaMMA), Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. ²Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia. Email: samirjulian@gmail.com

Antecedentes: los modelos de regresión aleatoria (MRA) son los más apropiados en el análisis de medidas repetidas como es el caso de la producción de leche; específicamente en las cabras de Antioquia no se tiene estandarizada la duración fisiológica de la lactancia y por consecuencia no se conoce el

comportamiento de los parámetros genéticos y fenotípicos durante la lactancia. **Objetivo:** estimar los componentes de co-varianza y parámetros genéticos para la producción de leche en cabras de primer parto y establecer la mejor duración de la lactancia para realizar evaluaciones genéticas. **Métodos:** para este análisis se utilizaron 861 controles de cabras de primer parto pertenecientes a 12 granjas del departamento de Antioquia, Colombia. Se corrieron modelos de regresión aleatoria para producción de leche (PL) a los 150, 210, 270 y 305 días en leche (P150, P210, P270, P305). La variación genética y fenotípica para la PL fue modelada con polinomios de Legendre de tercer orden y se utilizaron varianzas residuales homogéneas y heterogéneas para cada una de las duraciones de lactancia. Para escoger la duración de la lactancia adecuada para la realización de las evaluaciones genéticas en cabras de leche, se analizó la trayectoria de los parámetros genéticos y fenotípicos y sus respectivos errores estándar durante la lactancia. **Resultados:** los resultados de heredabilidad, varianza genética y fenotípica de acuerdo a la trayectoria de los parámetros genéticos y a sus respectivos errores estándar fueron más adecuados con el P150 con varianzas residuales homogéneas; para las demás duraciones de la lactancia se encontró que esa trayectoria fue más inestable y con mayores errores estándar. **Conclusiones:** los resultados de este estudio demostraron que la curva de producción de leche de las cabras en Antioquia se ajusta mejor genética y fenotípicamente a modelos menos parametrizados y con una duración de la lactancia de 150 días (P150); además, se puede concluir que al someter a las cabras a una producción continua durante periodos muy extensos se puede aumentar la varianza fenotípica e incurrir en errores de estimación. Este estudio es preliminar y requiere de continuidad en la toma de datos y en la aplicación de otros modelos.

Palabras clave: curva de lactancia, leche de cabra, parámetros genéticos, polinomios de Legendre.

Key words: genetic parameters, goat milk, lactation curves, Legendre polynomials.

Descripción del crecimiento en ganado Blanco Orejinegro utilizando el modelo de Von Bertalanffy

Description of growth in cattle Blanco Orejinegro using the model of Von Bertalanffy

Edison J Ramirez Toro¹, Zoot, MSc; Omar A Rodriguez², Zoot; Jaime L Gallego Gil¹, MV; Rodrigo A Martínez Sarmiento², Zoot, PhD.

¹Estación Experimental El Nus, San Roque, Antioquia, CORPOICA. ²Centro de Investigaciones Tibaitatá, Km. 14 vía Mosquera, CORPOICA.
Email: ejramirez@corpoica.org.co, edjurato@gmail.com

Introducción: la rentabilidad de los sistemas de producción ganaderos depende en gran parte de la eficiencia de los animales para crecer y desarrollarse, además las características de crecimiento están relacionadas con características de calidad de la carne. La descripción de las curvas de crecimiento utilizando modelos no lineales se torna como una opción para conocer la dinámica de crecimiento de la raza, permitiendo esto la programación de ventas y programas de alimentación estratégica en los momentos requeridos, para mejorar las características del producto final. Son pocos los trabajos que se han desarrollado en la raza Blanco Orejinegro (BON) por lo que no se conoce muy bien algunos de los factores importantes para la producción. **Objetivo:** estimar los parámetros de crecimiento para la raza BON utilizando el modelo no lineal de Von Bertalanffy. **Métodos:** se utilizó información de 62 animales machos enteros, con 569 pesajes, los animales fueron mantenidos en pastoreo rotacional en *Brachiaria decumbens*, en El Centro de Investigaciones El Nus de Corpoica, que se encuentra ubicado en el Municipio de San Roque (Antioquia) a una altura de 1000 m.s.n.m. A partir del modelo de Von Bertalanffy se estimaron los parámetros de crecimiento para toda la información disponible. Se utilizó la librería nls del programa estadístico R. **Resultados:** el modelo de Von Bertalanffy fue altamente significativo para la descripción de la curva de crecimiento en BON ($p < 0,01$) indicando un buen ajuste del modelo a los datos, los parámetros estimados fueron β_0 que se encuentra relacionado con el peso adulto 585,7 kg, la constante de integración (β_1) de 0,05568 y el β_2 que se encuentra asociado con la tasa de crecimiento de 0,00129, se encontró una correlación entre β_0 y β_2 de -0,98, lo cual indica que animales que tengan pesos adultos altos tendrán una tasa de crecimiento baja. **Conclusión:** el modelo ajusto bien a los datos, lo que significa que los parámetros estimados pueden ser utilizados como herramienta para incrementar la productividad en la raza BON.

Palabras clave: crecimiento, modelo no lineal, productividad.

Key words: growth, no linear model, profitability.

Diversidad genética de la gallina criolla del suroccidente colombiano*

Genetic diversity of creole chicken in southwestern Colombia

Yineth A Palacios Erazo, Zoot, cMSc; Luz A Álvarez Franco, Zoot, MSc, PhD; Jaime E Muñoz Florez, IA, Esp, PhD.

¹Grupo de Investigación en Recursos Zoogenéticos, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Palmira Colombia.
Email: laalvarezf@unal.edu.co

Introducción: en Colombia la gallina criolla es una especie socialmente importante por su aporte nutricional (huevos o carne) en pequeñas explotaciones campesinas que se encuentran muy alejadas de centros urbanos, además, su fácil reproducción, adaptabilidad y rusticidad son características de importancia. En los sistemas de pequeños productores coexiste una mayor diversidad de recursos genéticos animales y vegetales, en donde la mujer desempeña un papel fundamental conservando la biodiversidad, saberes y costumbres. Este tipo de producciones busca generar rentabilidad a lo largo del año, asegurar el autoconsumo familiar, garantizar la alimentación a través de productos más sanos y principalmente disminuir la dependencia de insumos externos. Las técnicas de biología molecular pueden ser usadas como herramientas para la conservación de recursos genéticos, almacenamiento de ADN para futura utilización y para la identificación de regiones responsables de características de adaptación. **Objetivo:** contribuir al conocimiento de la biodiversidad del país y al desarrollo agropecuario sostenible, mediante el estudio de la diversidad genética de aves criollas, con el fin de obtener criterios para conservación. **Métodos:** se colectaron 50 muestras de sangre en cada uno de los departamentos de Chocó, Valle del Cauca, Nariño y Cauca, 22 (Caldas) y 20 (líneas comerciales de pollos y ponedoras), se les realizó extracción y cuantificación de ADN, posteriormente fueron amplificadas a partir de 17 microsatélites: MCW34, ADL268, MCW69, MCW183, MCW295, MCW206, MCW14, MCW330, MCW78, MCW37, MCW81, MCW222, MCW103, MCW248, MCW98, ADL278 y MCW67, finalmente se visualizaron en geles denaturantes de poliacrilamida al 4%, junto con un marcador de 10 pares de bases y teñidos con nitrato de plata. Se estimarán los índices de diversidad con el programa ARLEQUIN y las agrupaciones mediante Structure. Las distancias y relaciones filogenéticas entre poblaciones se obtendrán a partir de la distancia insesgada de Nei. **Resultados:** hasta el momento se han amplificado 15 microsatélites de los 17, obteniendo un número mínimo de alelos de 3 (MCW78) y un máximo de 8 (MCW69). **Conclusión:** este trabajo es el primer paso para que más adelante las entidades gubernamentales generen políticas públicas que logren contribuir a la preservación de la especie y a la seguridad alimentaria, en especial de poblaciones marginadas.

Palabras clave: conservación, gallina traspatio, microsatélite.

Key words: conservation, creole chicken, microsatellite.

Diversidad genética de ovinos criollos colombianos*

Genetic diversity of colombian creole sheep

Nini J Vivas A¹, Zoot, Est MSc; Jaime E Muñoz², IA, PhD; Moris Bustamante³, MVZ; Vincenzo Landi⁴, Biol, PhD; Darwin Hernández², Zoot, MSc, Est PhD; Luz A Alvarez¹, Zoot, MSc, PhD.

*Programa de Investigación en Recursos Zoogenéticos. Financiado por la Dirección de investigación – DIPAL, Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. ¹Escuela de Postgrados, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. Proyecto de Biodiversidad Ovina Iberoamericana – Biovis. ²Escuela de Postgrados, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. ³Universidad de Córdoba Colombia. ⁴Proyecto de Biodiversidad Ovina Iberoamericana - Biovis, Universidad de Córdoba España.
Email: laalvarezf@unal.edu.co

Introducción: los ovinos al igual que otros animales domésticos, no son originarios del continente Americano, estos animales llegaron de España, primero en calidad de alimento para los navegantes y conquistadores y luego como pie de cría para los primeros colonos y religiosos. Los animales que entraron por la costa del Caribe, probablemente por la Guajira, dieron origen al denominado Ovinos Criollo Colombiano (OC), es un animal rústico y de gran fertilidad, su amplia adaptación hace que fácilmente se encuentre desde las zonas áridas de la Guajira hasta los páramos húmedos de la zona Andina. En el país se encuentran los ovinos

de lana: criollo de lana (CL) y mora colombiana (MC) y ovinos de pelo (CP), clasificados por algunos autores en: criollo Sudán (CS), Etiopio (CE) y Abisinio (CA). **Objetivos:** caracterizar genéticamente los OC con microsatélites de ADN y evaluar si existe diferenciación genética entre las variedades CP. **Métodos:** se utilizaron 15 marcadores microsatélites ampliamente usados en estudios de diversidad, en 291 muestras de animales CL, MC, CP, criollo colombiano mestizo (CM) y ovinos de razas foráneas en producción de lana y carne, colectadas en Boyacá, Atlántico, Cesar, Córdoba, Magdalena, Nariño y Valle del Cauca; también se utilizaron muestras de la raza nigeriana Uda y de las razas españolas Merino y Segureño. **Resultados:** se encontraron valores de heterocigosidad esperada que oscilaron entre 0,78 y 0,79 para CL y CP respectivamente, el promedio de F_{is} no presentó valores significativos. La variación genética entre las poblaciones CL y CP fue del 1%, mientras que dentro de individuos fue del 99%. La distancia genética separó al grupo CL del CP; entre las ovejas de pelo las CS se diferenciaron de las CA pero no se hallaron diferencias entre CA y CE. **Conclusiones:** en el OC se encontró alta diversidad genética convirtiéndolo en un reservorio de diversidad importante que se debe conservar.

Palabras claves: ADN, conservación animal, microsatélites.

Key words: animal conservation, DNA, microsatellites.

Efecto del ambiente sobre valores genéticos para grasa y proteína de toros extranjeros usados en Colombia

Effect of environment on breeding values for fat and protein foreign bulls used in Colombia

Juan C Rincón¹, Zoot, MS, cPhD; Albeiro López^{1,2}, Zoot, MS, PhD; Julian Echeverri^{1,3}, Zoot, MS, PhD.

¹Grupo BIOGEM: Biodiversidad y genética molecular. Universidad Nacional de Colombia. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Medellín, Colombia.

²Profesor Asociado. Universidad Nacional de Colombia. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Medellín, Colombia. ³Profesor Asistente. Universidad Nacional de Colombia. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Medellín, Colombia.

Email: jrcrincon@unal.edu.co

Introducción: el ambiente juega un papel muy importante en los resultados esperados a partir de las evaluaciones genéticas de los individuos, a menudo se puede encontrar animales que en un ambiente presentan un comportamiento óptimo, pero en otro ambiente no, a lo que se le denomina interacción genotipo-ambiente. **Objetivo:** determinar la interacción genotipo-ambiente usando el porcentaje de grasa y proteína en una población de toros extranjeros usados en Colombia. **Métodos:** se utilizó información productiva de 135 hatos de Antioquia para estimar los valores genéticos de 186 toros lecheros para porcentaje de grasa y proteína. La interacción genotipo-ambiente fue determinada mediante la estimación de los coeficientes de correlación de Spearman y Pearson entre los valores genéticos estimados en Antioquia y los extranjeros. La magnitud de la interacción se determinó mediante el coeficiente de regresión entre los valores genéticos estimados en Antioquia y los foráneos. **Resultados:** la correlación entre los valores genéticos calculados en Colombia y los extranjeros fue baja, siendo la correlación de Pearson para el porcentaje de proteína de 0,11 y para el porcentaje de grasa de 0,07. Los resultados obtenidos muestran una modificación en el ranking de los toros con base en su valor genético de acuerdo a si se usan los valores genéticos nacionales o foráneos, lo que pone en evidencia una alta interacción genotipo-ambiente para las características de composición de la leche. El coeficiente de regresión para el porcentaje de proteína fue de 0,23 y para el porcentaje de grasa de 0,002, ambos significativos ($p < 0,05$), indicando una magnitud de interacción alta para las dos características, siendo más fuerte la interacción presente para la grasa, debido a que se encuentran menos relacionados los valores genéticos foráneos y los nacionales. **Conclusiones:** este trabajo demuestra la alta interacción genotipo-ambiente entre las condiciones en que fueron evaluadas los toros en el exterior y las condiciones colombianas, lo que pone en evidencia la necesidad de fortalecer los programas de evaluación genética nacionales que permitan estimar los valores genéticos apropiados y acordes con las condiciones de Colombia.

Palabras clave: ganado lechero, interacción genotipo-ambiente, parámetros genéticos.

Key words: dairy cattle, genetic parameters, genotype-environment interaction.

Efecto del gen PPARGC1A sobre características de importancia en industria lechera

Effect of PPARGC1A gene on traits of importance in dairy industry

Juan D Rodríguez Neira¹, Zoot, cMSc; Julián Echeverri Zuluaga², Zoot, MSc, PhD; Albeiro López Herrera³, Zoot, MV, MSc, DrSc.

¹Grupo BIOGEM, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín. ²Profesor Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Facultad de Ciencias Agrarias, Departamento de Producción animal, Grupo BIOGEM. ³Profesor Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Facultad de Ciencias Agrarias, Departamento de Producción animal, Grupo BIOGEM.
Email: jdrodrign@unal.edu.co

Introducción: el gen PPARGC1A está involucrado en procesos metabólicos durante la lactación en el ganado lechero. Se han encontrado asociaciones del polimorfismo 3359A/C del gen con algunas características productivas en ganado de leche por tanto este gen puede ser importante para ser usado en programas de selección asistida por marcadores moleculares. **Objetivo:** determinar la asociación del polimorfismo 3359A/C del gen PPARGC1A con producción, composición y calidad sanitaria de la leche en ganado Holstein de Antioquia. **Métodos:** 300 vacas Holstein de 12 Hatos Antioqueños fueron genotipificadas mediante la técnica PCR-RFLP. Información fenotípica histórica y actual fue registrada. El análisis estadístico se realizó mediante modelos lineales generales ejecutados en el programa estadístico SASV9.1. Un análisis de regresión fue desarrollado también para medir la magnitud del efecto de la sustitución alélica sobre los caracteres de importancia. **Resultados:** se determinó una asociación significativa de los genotipos del gen PPARGC1A con recuento de células somáticas ($p < 0,05$). Los genotipos AA y AC con RCS de 297 (x1000 cel/ml) y 296 (x1000 cel/ml) respectivamente fueron más favorables que el genotipo CC del cual se obtuvo un valor de recuento de células somáticas de 360 (x1000 cel/ml), la sustitución de un alelo A por uno C representó un cambio de 20,56 (x1000 cel/ml) pero esta regresión no tuvo significancia estadística ($p < 0,05$), la producción de leche aunque no se encontró asociación con los genotipos, la sustitución de un alelo A por uno C representó una disminución de 126 L, pero esta tampoco regresión tuvo significancia ($p < 0,05$), las características restantes no tuvieron asociación con el polimorfismo. **Conclusiones:** los resultados de esta investigación indican que el polimorfismo del gen está asociado significativamente con el recuento de células somáticas, lo que sugiere que además de las funciones de este gen ya reportadas posiblemente también esté relacionado con la salud de la ubre. Considerando que la salud de la ubre es un problema complejo que afecta a todos los hatos, futuras investigaciones serán necesarias para ampliar el conocimiento acerca de este gen sin dejar a un lado las posibles asociaciones que pueda tener con características productivas y de calidad de la leche.

Palabras clave: PCR-RFLP, recuento de células somáticas, selección por marcadores moleculares.

Key words: marker selection, PCR-RFLP, somatic cell score.

Estandarización de una técnica para la caracterización citogenética de la Dorada del Magdalena (*Brycon moorei moorei*) con fines posteriores de repoblamiento. Muestreo y obtención de los extendidos cromosómicos

Standardization of a technique for cytogenetic characterization of the dorada of Magdalena (Brycon moorei moorei) with subsequent repopulation purposes. Sampling and obtaining of the extended chromosomal

Santiago García Castrillón^{1,2}, Est Zoot; Carlos A López Escudero^{1,2}, Zoot.

¹Grupo de Investigación en Ciencias Agrarias -GRICA-, Universidad de Antioquia. ²Laboratorio de reproducción de larvas de peces y alimento vivo LARPEALI, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Email: andres.lopez.e@hotmail.com

Introducción: la dorada del Magdalena (*Brycon moorei moorei*), es una especie endémica de Colombia con características organolépticas de carne y apariencia externa que la ubican como una especie promisoría para el cultivo intensivo en trópico medio y bajo. Sin embargo, diferentes factores antrópicos

han provocado su rápida disminución en el medio natural, lo que implica la necesaria ejecución de programas de repoblamiento. **Objetivos:** estandarizar una técnica para la caracterización citogenética de la dorada del Magdalena con fines posteriores de repoblamiento. **Métodos:** se muestrearon dos poblaciones de dorada del Magdalena mantenidas en cautiverio, localizadas en la estación piscícola San Silvestre (Santander) y en la estación piscícola San José del Nus de la Universidad de Antioquia (San Roque - Antioquia), capturando ocho ejemplares respetando las buenas prácticas de manejo. La toma de muestras se realizó por punción de la vena caudal, previa desinfección del sitio de sangrado. El cultivo se realizó sembrando 0,5 ml de sangre en 4 ml de medio RPMI 1640 suplementado con 0,7 ml de PHA-M al 0,5% e incubado a 28°C por 96 horas. Una hora antes de la cosecha se agregaron 100 µl de colcemid al 10%. Luego se realizó la hipotonización adicionando 10 ml de KCl al 0,56% a 37°C por 24 minutos, seguida de tres fijaciones con solución carnoy. El contenido se separó mediante centrifugación a 500 gravedades por 5 minutos. El extendido se realizó por goteo sobre portaobjetos a 4°C y posteriormente teñidos con Giemsa al 5%. **Resultados:** los extendidos cromosómicos logrados por goteo en portaobjetos fríos, se observaron al microscopio a 40x, obteniéndose sesenta metafases claras y libres de distorsión en las diez placas analizadas. **Conclusiones:** los resultados obtenidos, permiten asegurar que el protocolo utilizado es correcto y hará viable la caracterización citogenética de la especie de estudio y su diferenciación de otras especies y subespecies del género *Brycon*, para formular adecuados programas de repoblamiento.

Palabras clave: cariotipo, endémica, genética, nativa, programa repoblamiento.

Key words: cariotype, endemic, genetic, native, repopulation program.

Estimação de parâmetros genéticos para a contagem de células somáticas (CCS) na lactação ajustada aos 270 dias, em búfalas no Brasil

Estimation of genetic parameters for the mean of the somatic cells count (SCC) in 270 days fitted lactation, for buffalo cows in Brazil

Geovanny Mendoza Sánchez¹, MVZ, PhD; Naudin Hurtado Lugo², Zoot, MSc, cPhD; Rúsel R Aspilueta Borquis², Zoot, MSc, PhD; Francisco R de Araujo Neto², PhD; Donicer Montes Vergara^{2,3}, MSc; Humberto Tonhati², Zoot, MSc, PhD.

¹Grupo de Investigación en Reproducción y Mejoramiento Genético en Animales Tropicales (REMEAT), Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de La Salle, Bogotá, Colombia. ²Facultad de Ciencias Agrarias y Veterinarias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal UNESP, SP, Brasil. ³Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Sucre, Sincelejo, Colombia.
Email: gemendoza@unisalle.edu.co

Introdução: a utilização da CCS com propósitos de seleção tem sido discutida por diferentes pesquisadores e considera-se que a seleção para a redução da CCS, poderia reduzir a susceptibilidade à mastite. **Objetivo:** foi estimar componentes de variância e parâmetros genéticos para a CCS utilizando a média na lactação em búfalas no Brasil. **Métodos:** os componentes de variância e valores genéticos foram obtidos, usando o software MTDFREML por meio de máxima verossimilhança restrita aplicado a um modelo animal. A CCS foi transformada numa escala logarítmica e truncada aos 270 dias, o modelo estatístico usado na avaliação genética dos animais incluiu os efeitos fixos de grupo de contemporâneas (rebanho-ano-estação do parto), idade da vaca ao parto como covariável (efeitos linear e quadrático) e o efeito aleatório de ambiente permanente, pelo fato de apresentar-se lactações repetidas do mesmo animal. Utilizou-se um arquivo de pedigree com 14279 animais na matriz de parentesco e analisadas 2368 lactações. **Resultados:** as estimativas de herdabilidade, variância genética (VA), variância ambiental (VE) e variância fenotípica (VP) foram: 0,12, 0,05, 0,30 e 0,44 respectivamente. **Conclusões:** os resultados são similares aos apresentados para bovinos, a VA foi menor de que a VE revelando que o ambiente teve maior contribuição na variabilidade, talvez, devido aos diferentes sistemas de produção dos rebanhos avaliados. Sugere-se realizar avaliações apoiadas em outras metodologias (normas de reação, regressões aleatórias etc).

Palavras chave: búfalas, herdabilidade, mastite.

Key words: buffalo cows, heritability, mastitis.

Estimación de parámetros de la curva de crecimiento en bovinos Lucerna y sus cruces

Estimation of parameters of the growth curve in cattle Lucerna and their crosses

Lina M Henao Marin¹, Est Zoot; Luis G González Herrera², MVZ, Msc, PhD.

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias, Corporación Universitaria Santa Rosa de Cabal-UNISARC, Santa Rosa de Cabal, Colombia. ²Grupo de Investigación en Producción Pecuaria Sostenible, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia.
Email: pascu002000@yahoo.es

Introducción: los bovinos presentan un crecimiento que se grafica por una curva, donde se identifican parámetros que resumen el crecimiento de los animales; con esto, es posible verificar la asociación entre estos parámetros y algunos factores responsables en el desarrollo de los bovinos. **Objetivo:** estimar parámetros de la curva de crecimiento (CC) en bovinos Lucerna y sus cruces con Holstein, Gyr y Blanco Orejinegro y su relación con los factores época de nacimiento (EN) y componente racial (CR). **Métodos:** se analizaron registros de crecimiento de 345 hembras de raza Lucerna y sus cruces, pertenecientes a la hacienda Reserva Natural el Hatico (Valle del Cauca). Fueron estimados parámetros de la CC, ligada a EN, considerando los meses de Diciembre-Febrero (EN1), Marzo-Mayo (EN2), Junio-Agosto (EN3) y Septiembre-Noviembre (EN4); CR siendo CR1: <50% Lucerna, CR2: 50-75% Lucerna, CR3: 76-99% Lucerna y CR4: 100% Lucerna; por último, la relación de estos parámetros con edad al primer parto (EPP) (correlación de Pearson). Tres modelos fueron utilizados (Beta, Gompertz y Brody). Un análisis de varianza incluyendo los parámetros estimados, fue realizado para determinar la influencia en el crecimiento de las EN y el CR; cuando existieron diferencias significativas se realizó el test de Tukey. **Resultados:** el porcentaje de convergencia y la suma de cuadrados del residuo indicaron al modelo Gompertz como el que mejor describió la CC de los animales. Las medias para el parámetro a (peso adulto) fueron superiores para EN3 y EN4, sin diferencias significativas para este parámetro. Animales con mayor tasa de crecimiento (parámetro c) nacieron en la EN2 y los de menor tasa, en la EN1, con diferencia significativa ($p < 0,05$) entre EN1 con las demás EN. Individuos del CR1 y CR4 presentaron mayor estimativa del parámetro a, constatándose diferencia significativa ($p < 0,05$) entre CR1 y los otros CR; para el parámetro c, CR2 presentó mayor estimativa (0,00229), existiendo diferencia entre éste y los demás CR. La EPP presentó relación negativa con los parámetros a y c. **Conclusiones:** la CC de hembras Lucerna y sus cruces, está influenciada por efectos de EN y CR. Animales con rápido crecimiento, obtienen mayor peso adulto y menor EPP.

Palabras clave: análisis de varianza, curva de crecimiento, estación de nacimiento, Gompertz.

Keywords: analysis of variance, Gompertz, growth curve, season of birth.

Estimación de parámetros de la curva de la lactancia en vacas cruzadas y su relación con algunos factores de relevancia económica

Parameter estimation of lactation curve in cross cows and their relationship with some factors of economic relevance

Luisa F Gómez Betancourt, Est MVZ; Luis G González Herrera, MVZ, Msc, PhD.

¹Grupo de investigación en producción pecuaria sostenible, Facultad de ciencias de la salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia.
Email: pascu002000@yahoo.es

Introducción: actualmente la producción de leche (PL) se enfrenta a grandes desafíos de competitividad; por esto es importante, entre otras cosas, hacer una evaluación de los desempeños productivos de cada uno de los animales, teniendo en cuenta todo el periodo de lactancia, además de identificar factores que tienen mayor influencia en la PL para establecer manejos específicos enfocados a aumentar la rentabilidad de la empresa ganadera. **Objetivo:** estimar parámetros de las curvas de lactancia (CL) en ganado vacuno cruzado e identificar la relación que existe entre estos parámetros con algunos factores del ciclo productivo. **Métodos:** se analizaron los registros de pesajes de leche semanales de primeras lactancias ocurridas entre 1992 y 2009, de 181 vacas mestizas pertenecientes a una empresa

ganadera dedicada al sistema de doble propósito, con componentes raciales (CR) definidos así: CR1: Cruces entre cebuinos; CR2: cruces entre taurinos y CR3: cruces entre taurinos y cebuinos. Cuatro épocas de parto (EP), fueron consideradas así: meses de Diciembre-Febrero (EP1), Marzo-Mayo (EP2), Junio-Agosto (EP3) y Septiembre-Noviembre (EP4). Vacas con lactancias menores a 220 días fueron excluidas de los análisis. Para estimar los parámetros de la CL se utilizaron los modelos matemáticos de Ali y Schaeffer, Wood, Wilmink y Brody. Se tuvieron 2 criterios de comparación para la elección del mejor modelo: suma de cuadrados de residuo y porcentaje de convergencia. **Resultados:** el modelo que mejor se ajustó según los criterios de comparación fue Ali y Schaeffer (5 parámetros: $B_0 - B_1 - B_2 - B_3 - B_4$). No existieron diferencias significativas para los parámetros de la curva entre CR; sin embargo el CR2 tuvo mayor ascenso de producción hasta el pico (B_3 y B_4), mayor pico de producción (B_0) y mayor descenso de la curva (B_1 y B_2). Diferencias significativas entre EP ($p < 0,05$) fueron observadas entre EP1 y EP3 con EP4 para B_0 , B_1 , B_3 y B_4 . **Conclusiones:** existe diferencia en el formato de la CL entre los componentes raciales, sin embargo, esas diferencias no son significativas; de acuerdo a la estación de parto el formato de curva difiere, específicamente entre las épocas de poca lluvia y las de mayor lluvia.

Palabras clave: eficiencia productiva, modelos matemáticos, producción de leche.

Key words: mathematic models, milk yield, production efficiency.

Estimación de parámetros genéticos para peso al destete utilizando muestreo de Gibbs

Estimation of genetic parameters for weaning weight using Gibbs sampling

Edison J Ramirez Toro¹, Zoot, MSc; Jaime L Gallego Gil¹, MV; Rodrigo A Martínez Sarmiento², Zoot PhD.

¹Centro de Investigación El Nus, San Roque, Antioquia, CORPOICA. ²Centro de Investigación Tibaitatá, Km. 14 vía Mosquera, CORPOICA. Email: ejramirez@corpoica.org.co, edjurato@gmail.com

Introducción: el peso al destete es uno de los caracteres de mayor importancia dentro de los sistemas de producción, por lo cual se considera una de las características de mayor relevancia para ser incluida en un programa de selección. El muestreo de Gibbs surge como una opción para calcular los parámetros genéticos en grandes bases de datos o en datos desbalanceados utilizando la inferencia Bayesiana. **Objetivo:** el presente trabajo tuvo como objetivo estimar parámetros genéticos para peso al destete en ganado Blanco Orejinegro (BON) utilizando el muestreo de Gibbs. **Métodos:** se utilizó la información productiva (5385 pesos al destete) y genealógica (8239 animales) de la raza BON del banco de germoplasma que administra Corpoica y de 26 fincas pertenecientes al plan de fomento de razas criollas y de productores particulares de diferentes zonas del país. La característica evaluada fue peso al destete (PD). Las estimativas de componentes de varianzas y heredabilidades fueron obtenidas por modelo animal unicaracterístico usando el muestreo de Gibbs. Se incluyeron como efectos fijos la finca, el sexo y el grupo contemporáneo (año y época de nacimiento) y como covariables se incluyó la edad al destete. Los efectos aleatorios fueron el genético aditivo directo, el efecto genético materno, efecto de ambiente permanente y el error. **Resultados:** las heredabilidades promedio estimadas fueron $0,43 \pm 0,037$, $0,12 \pm 0,024$ y $0,37 \pm 0,032$ para la heredabilidad directa, materna y total, respectivamente; el efecto de ambiente permanente fue de $0,021 \pm 0,014$ y efecto residual de $0,54 \pm 0,037$. La heredabilidad directa fue alta lo que indica una buena respuesta a la selección para esta característica en esta población. **Conclusión:** las heredabilidades estimadas sugieren que es posible obtener un incremento de PD realizando selección por esta característica. El efecto materno tiene una influencia media sobre la característica evaluada.

Palabras claves: efecto materno, heredabilidad, programas de selección.

Key words: heritability, maternal effect, selection programs.

Estimación de parámetros genéticos para características reproductivas, en un hato de ganado Blanco Orejinegro (BON)

Estimation of genetic parameters for reproductive traits in a herd of cattle Blanco Orejinegro (BON)

Alejandro Díaz Giraldo^{1,2}, Zoot; Edison J Ramirez Toro³, Zoot, MSc; Jaime L Gallego Gil², MV; Rodrigo A Martínez Sarmiento⁴, Zoot, PhD.

¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. ²Grupo de Investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal (GaMMA). ³Centro de Investigación El Nus, Corpoica. ⁴Centro de Investigación Tibaitatá, Corpoica. Email: ejramirez@corpoica.org.co, edjurato@gmail.com

Introducción: en la actualidad las empresas ganaderas buscan cada día mejorar la eficiencia reproductiva de sus sistemas de producción, la cual tiene un gran impacto en los costos de producción y en la productividad de estas. La estimación de los parámetros genéticos nos permite conocer si la característica estudiada puede ser incluida en un programa de selección siendo las características con heredabilidades de medias a altas las ideales para este fin. **Objetivo:** determinar parámetros genéticos para edad al primer parto (EPP), e intervalos entre partos (IEP) entre el primer y segundo parto (IEP₁₋₂), IEP entre segundo y tercero (IEP₂₋₃) en un hato de ganado Blanco Orejinegro (BON). **Metodología:** el estudio se realizó en El Centro de Investigación El Nus de Corpoica, ubicado en el municipio de San Roque a una altura entre 800 y 1300 m.s.n.m. Se analizaron 571 datos para EPP, 404 para IEP₁₋₂ y 293 para IEP₂₋₃, se utilizó un modelo animal unicaracterístico; los efectos fijos fueron para EPP grupo contemporáneo (año y época de nacimiento) y para IEP₁₋₂, ₂₋₃ grupo contemporáneo (año y época de parto), sexo de la cría y edad al parto como covariable. **Resultados:** para las tres variables analizadas los efectos fijos fueron altamente significativos ($p < 0,01$), la covariable edad al parto fue altamente significativa ($p < 0,01$). El promedio de la EPP fue de $1123,61 \pm 132,63$ días, para IEP₁₋₂ y IEP₂₋₃ fueron $608,63 \pm 188,63$ y $505,63 \pm 174,4$ días respectivamente. Las heredabilidades encontradas fueron 0,21; 0,14; 0,35 para EPP, IEP₁₋₂ y IEP₂₋₃ respectivamente. La heredabilidad para IEP₁₋₂ fue la más baja indicando que esta característica tiene una mayor influencia de los factores ambientales que las otras. **Conclusión:** las heredabilidades encontradas, sugieren que estas características pueden ser incluidas en un programa de selección con una respuesta aceptable.

Palabras claves: edad al primer parto, eficiencia reproductiva, heredabilidad, intervalo entre partos.

Key words: age at first calving, calving interval, heritability, reproductive efficiency.

Estudio de asociación genómica (GWAS) para características de crecimiento en bovinos criollos (ROMO, BON) utilizando Single Step GBLUP

Genome wide association study for growth traits in creolle cattle (Romosinuano and BON), using Single Step GBLUP

Rodrigo A Martínez Sarmiento¹, Zoot, PhD; Yolanda Gómez Vargas¹, MV; Diego H Bejarano Garavito¹, MVZ, PhD; Juan F Martínez Rocha¹, MV; Carlos Lucero C¹, Zoot, PhD; Rodrigo Vasquez Romero¹, Zoot; Yesid Abuabara P², MVZ; Jaime Gallego Botero³, MV.

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (CORPOICA), Centro de Biotecnología y Bioindustria (CBB), C.I. Tibaitatá. Centro de Investigaciones Tibaitatá. ²Centro de Investigaciones Turipaná. ³Centro de Investigaciones El Nus.

Email: ramartinez@corpoica.org.co

Introducción: actualmente, se cuenta con información distribuida en todo el genoma bovino que junto con la información fenotípica puede ser incluida en modelos de evaluación genética para uso en selección. **Objetivo:** identificar regiones genómicas relacionadas con el control genético de características de crecimiento en bovinos. **Métodos:** se evaluaron 650 animales de las razas BON (n=320), Romosinuano (n=220) y sus cruces con Cebú (n=110) utilizando genotipado a gran escala (BovineSNP50 BeadChip (Illumina MR)). Se obtuvo un total de 51786 SNP efectivos en un total de 639 animales informativos. Registros de peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD), ganancia de peso al destete (GDP) y peso a los 16 meses (P16m) fueron colectados y evaluados en

conjunto con los resultados obtenidos del genotipado utilizando la metodología BLUP, con una matriz de relaciones genómicas en un solo paso (Single Step Genomic Blup). **Resultados:** se encontró marcadores SNP con efecto significativo ($p < 1,0 \times 10^{-6}$) sobre los cromosomas 10 y 14, que presentan el mayor número de SNP significativos (44 y 28, respectivamente). Para PN se encontró un QTL sobre el cromosoma 14, y otro sobre el cromosoma 18, ambos con efecto significativo. También se estimaron efectos de los SNP sobre la GDP, con efecto altamente significativo sobre los cromosomas 2, 11, y 20 con QTL's bien diferenciados en los cromosomas 12 y 20. Para PD se encontró un total de 99 SNP con asociación significativa y los cromosomas 10, 11 y 20 presentaron los SNP más altamente significativos, también los cromosomas 5 y 15 poseen polimorfismos altamente asociados ($p < 1,0 \times 10^{-6}$). Por último el estudio de asociación para P16, mostró que los cromosomas 11, 13 y 28 presentan los más altos niveles de significancia, siendo este último el que presenta SNP la mayor asociación a la característica ($p < 1,0 \times 10^{-6}$). **Conclusiones:** los SNP asociados fueron encontrados dentro o cerca de genes que intervienen en el metabolismo celular, los cuales podrían ayudar a identificar QTL y rutas específicas asociadas con la organogénesis y el desarrollo de tejidos, características importantes que influyen sobre los parámetros productivos evaluados y podrían ser potencialmente útiles para selección.

Palabras clave: crecimiento, genética, razas criollas, selección genómica.

Key words: creole breeds, genetic, genome selection, growth.

Estudio de la variabilidad genética de dos especies de pargo (*Lutjanus guttatus* y *Lutjanus argentiventris*) del pacífico colombiano, mediante técnicas moleculares

Study of genetic variability of two species of snapper (*Lutjanus guttatus* and *Lutjanus argentiventris*), the colombian Pacific, using molecular techniques

José A Gómez Peñaranda, Zoot, Biol, PhD; Vivy J López García, Zoot, MSc; Jaime E Muñoz Flórez, IA, PhD.

Grupo de Investigación en Recursos zoogenéticos. Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira.
Email: joagomezpe@unal.edu.co

Introducción: las especies de Pargo *Lutjanus guttatus* y *Lutjanus argentiventris* se distribuyen en aguas tropicales y subtropicales por casi todo el Pacífico americano siendo considerados recursos importantes para el desarrollo pesquero del Pacífico Colombiano. Los microsatélites aleatorios RAMs son útiles para la caracterización genética de poblaciones, por su alto polimorfismo, poder de discriminación y por la relación encontrada entre los agrupamientos biológicos. **Objetivo:** evaluar la variabilidad genética intraespecífica de dos especies de pargos *Lutjanus guttatus* y *Lutjanus argentiventris* en tres zonas del Pacífico Colombiano correspondientes a Bahía Tumaco, Bahía Málaga y Bahía Solano mediante marcadores moleculares RAMs. **Métodos:** se evaluaron 79 individuos colectados en tres regiones de la Zona Pacífica Colombiana con cuatro cebadores RAMs (AG, CCA, CT y ACA). **Resultados:** se obtuvo una Heterocigocidad esperada para *Lutjanus guttatus* de 0,29 y un porcentaje de loci polimórficos del 87%. En cuanto a *Lutjanus argentiventris* los valores de Heterogeneidad esperada y porcentaje de loci polimórficos fueron 0,27 y 77% respectivamente. El coeficiente de diferenciación genética (F_{ST}) fue de 0,22 para *L. guttatus* y 0,33 para *L. argentiventris*. Con el análisis descriptivo utilizando el coeficiente de Dice Nei-Li por el método UPGMA, se formaron los grupos de acuerdo a la especie estudiada y la zona de muestreo. El análisis con el AMOVA detectó una variación entre individuos de cada zona para *Lutjanus guttatus* del 79% y para *Lutjanus argentiventris* del 81%. **Conclusiones:** se determinó la existencia de una alta diferenciación genética entre las tres zonas para cada una de las especies evaluadas, que puede ser atribuida a la capacidad adaptativa que tienen los individuos ya que estas zonas tienen condiciones ecológicas diferentes. Por otra parte, el análisis de varianza molecular nos indicó que también existe una alta variación entre individuos en cada una de las zonas estudiadas, y obedece a diferencias propias de los individuos para cada especie de pargo.

Palabras claves: Colombia, intraespecífica, pargos, RAMs, variabilidad.

Key words: Colombia, intraspecific, pargos, RAMs, variability.

Estudio de medidas de composición corporal tomadas con ultrasonido en bovinos Charolais menores de dos años en 3 fincas del Valle del Cauca*

Body composition measures taken by ultrasound in Charolais cattle under two years of age in three herds of Cauca Valley

Juan C Velásquez Mosquera¹, MV, MSc; Nicolás Murcia², Zoot.

*Trabajo vinculado con el proyecto Caracterización de medidas de crecimiento y composición corporal en bovinos Charolais menores de dos años en 3 fincas del valle del Cauca, Facultad de Ciencias Agropecuarias Universidad de La Salle-Asocharolaise de Colombia, Bogotá (Colombia). ¹Docente-Investigador Universidad de La Salle, Bogotá, Colombia. ²Zootecnista ULS.
Email: jcvelasquez@unisalle.edu.co

Introducción: desde hace varios años las medidas de la canal tomadas por ultrasonido en bovinos de razas de carne ayudan a identificar los animales que presentan las mejores características cárnicas. **Objetivo:** se realizó un estudio con el fin de conocer medidas de composición corporal: área de ojo del lomo AOL, espesor de grasa dorsal EGD, espesor glúteo medio EGM y espesor grasa de anca EGA en bovinos Charolais menores de 24 meses de 3 fincas del Valle del Cauca. **Métodos:** se tomaron medidas ecográficas a nivel dorsal y del anca de músculo y grasa subcutánea de animales de ambos sexos ($n=112$, 59 hembras y 53 machos), estarán fueron grabadas e interpretadas con software ODT. Para el análisis estadístico de cada medida los animales fueron agrupados en rangos de edad, sexo y manejo alimenticio. **Resultados:** los promedios encontrados para peso variaron dependiendo del nivel nutricional para grupos de edad y sexo. Para las medidas de musculatura AOL se encontraron valores desde 18 cm² para animales de 98 kg de peso a los 2 meses de edad hasta de 78 cm² para animales de 682 kg de peso a los 23 meses de edad, para EGM se encontraron valores desde 3,2 cm para animales de 95 kg y 2 meses de edad hasta 9,2 cm para animales de 682 kg de peso y 23 meses de edad. Para las medidas de grasa EGD desde 0,7 mm para animales de 98 kg a los 2 meses de edad hasta 6,6 mm para animales de 23 meses de edad y EGA encontraron valores que oscilaron entre 2,1 y 8,2 mm de grasa subcutánea para animales entre 2 y 23 meses de edad. Las medidas (PESO) con AOL, EGD, EGM, EGA estuvieron correlacionadas ($p < 0,01$), indicando la utilidad de utilizar el peso junto con medidas de la canal tomadas por ultrasonido para la selección de bovinos de la raza Charolais. **Conclusiones:** las medidas (PESO) y medidas de la canal AOL, EGD, EGM y EGA en bovinos Charolais jóvenes en tres fincas del Valle del Cauca fueron dependientes del nivel nutricional y de manejo propio de cada finca.

Palabras clave: canal, selección, ultrasonido.

Key words: carcass, selection, ultrasound.

Evaluación de la producción de leche de búfalas doble propósito, usando modelos lineales mixtos

Milk yield evaluation of dual-purpose buffaloes, using mixed lineal models

Divier A Agudelo Gómez¹, Ind Pec, MSc, cDr; Swammy Y Gutiérrez Molina¹, Tec Pec, Est Zoot; Mario F Cerón Muñoz², Zoot, MSc, Dr; Alejandro Henao³

¹Corporación Universitaria Lasallista, Facultad de Ciencias Administrativas y Agropecuarias. ²Grupo de Investigación en Genética, Mejoramiento Animal (GaMMA) Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. CODI Sostenibilidad 2011-2012. ³Buflalera Altamar S.A.
Email: diagudelo@lasallistadocentes.edu.co

Introducción: en los sistemas de producción ganaderos doble propósito de ganado bufalino, la producción de leche tiene gran importancia por el mayor precio que tiene la leche por su contenido graso y proteico que son mayores a los de la leche del ganado vacuno. Uno de los criterios de selección en muchos sistemas de producción bufalino es el nivel de producción de leche, por lo que es importante conocer las características productivas de las hembras bufalinas en los sistemas de producción. **Objetivo:** estimar por medio de del uso de modelos lineales mixtos la producción de leche hasta 270 días en tres hatos bufalinos doble propósito. **Métodos:** se usó una base de datos productiva de tres sistemas de producción, S1, localizado en la Costa Atlántica, y S2 y S3, localizados en el Magdalena Medio, con 9456, 969 y 344 lactancias, respectivamente. La leche, media en kg, a 270 días se calculó usando un Modelo Lineal Mixto, LME, en el que se incluyó

como efectos fijos el número de parto (lactancias de hembras de primer hasta diez partos o más, P1a P9 y P10M) sistema de producción y grupo contemporáneo (año, y época de parto) y el efecto aleatorio de búfala. **Resultados:** los tres efectos fijos fueron altamente significativos ($p < 0,01$). La producción promedio de leche estimada para P1 a P9 y P10M fue de $997,0^{ab} \pm 6,9$; $1039^c \pm 6,9$; $1048,9^{cd} \pm 7,0$; $1057,2^{de} \pm 7,3$; $1061,0^{de} \pm 7,8$; $1041,8^{de} \pm 8,3$; $1034,5^{de} \pm 9,0$; $1030,2^{de} \pm 10,0$; $1009,6^{de} \pm 11,3$ y $939,6^{de} \pm 11,5$ respectivamente. Se probarán nuevos modelos incluyendo información genealógica para estimar componentes de varianza. **Conclusiones:** la producción de leche se ve afectada por diversos factores ambientales, entre ellos la edad o número de parto y época de parto.

Palabras clave: componentes de varianza, evaluación productiva, sistemas de producción.

Key words: production systems, productive evaluation, variance components.

Factores ambientales que afectan el intervalo entre partos y edad al primer parto en dos búfalas de la costa norte de Colombia*

Environmental factors affecting calving interval and age at first calving in two buffalo farms of the northern coast of Colombia

Swammy Y Gutiérrez Molina¹, Tec Pec, Est Zoot; Divier A Agudelo Gómez^{1,2}, Ind Pec, MSc, cDrSc; Mario F Cerón Muñoz¹, Zoot, MSc, DrSc.

*CODI Sostenibilidad 2011-2012. ¹Grupo de Investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal (GaMMA), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. ²Facultad de Ciencias Administrativas y Agropecuarias, Corporación Universitaria Lasallista, Caldas, Colombia.

Email: luxix@hotmail.com

Introducción: el componente reproductivo representa un factor de alto impacto en los costos de producción y determina en gran medida la productividad de una ganadería. **Objetivo:** determinar el efecto de algunos factores que afectan la edad al primer parto (EPP) e intervalo entre partos (IEP) en dos búfalas de la costa norte de Colombia. **Métodos:** fueron analizados registros desde el año 2000 hasta el 2009, se evaluó la edad al primer parto (EPP) e intervalo entre partos (IEP) mediante un modelo lineal generalizado. Para EPP se analizaron 278 registros utilizando como efectos fijos finca, año de nacimiento y época de nacimiento. Para IEP se emplearon 216 registros de 187 búfalas utilizando como efectos fijos finca, época de parto, número de parto y la covariable producción de leche hasta los 270 días. **Resultados:** las medias para EPP e IEP fueron $45,03 \pm 6,16$ meses y $485,58 \pm 63,24$ días, respectivamente. En el análisis de varianza para EPP se encontró que los efectos año de nacimiento y finca fueron altamente significativos ($P < 0,0001$). En el análisis del IEP, los efectos época de parto, número de parto y finca fueron altamente significativos ($P < 0,0001$). **Conclusiones:** la edad al primer parto e intervalo entre parto son altamente afectados por factores ambientales lo que sugiere que se deben establecer estrategias de manejo para mejorar ambos parámetros reproductivos.

Palabras clave: búfalas, efectos ambientales, parámetros reproductivos.

Key words: buffaloes, environmental effects, reproductive parameters.

Ganancias de peso en ovinos de la raza Pelibuey

Weight gains in Pelibuey sheep

Clara V Rua B¹, Zoot, cMSc; Elkin M Arboleda Z^{2,3}, Zoot, MSc; Henry Cardona Cadavid^{2,3}, Zoot, MSc, PhD.

¹Secretaría Técnica de la Cadena Productiva Ovino-Caprino de Antioquia.

²Profesor, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. ³Grupo de Genética, Mejoramiento y Modelación Animal, GaMMA-UdeA.

Email: claravivia@hotmail.com

Introducción: algunos factores básicos de la producción ovina de carne, al igual que en otras producciones pecuarias son: la base genética, la reproducción, la alimentación, la sanidad y por supuesto, el control de la producción mediante toma de registros y el análisis sistemático de dicha información. En Colombia existen pocos estudios que muestren el potencial productivo de borregos dedicados al

engorde. **Objetivo:** estimar la ganancia diaria de peso (GDP) y la ganancia diaria acumulada (GDA) para ovinos Pelibuey en diferentes etapas de su vida, en un sistema de pastoreo rotacional. **Métodos:** se utilizaron los registros productivos de ovinos de raza pura Pelibuey, en un sistema productivo del departamento de Antioquia, un total de 1561 ganancias tomadas entre los años 2010 y 2012, provenientes de 255 animales, 159 hembras y 96 machos, los cuales fueron procesados mediante el PROC GLM del programa SAS con un modelo que tuvo en cuenta los factores sexo, mes y año de pesaje. **Resultados:** se obtuvo una media \pm error estándar de 24 ± 4 g y 60 ± 1 g; con coeficientes de variación de 707,8% y 71,4% para GDP y GDA, respectivamente. En cuanto a los efectos significativos ($p < 0,05$), se encontró que el sexo y el mes influyeron sobre ambas variables; en tanto que el año solamente tuvo efecto sobre GDA; donde las mejores ganancias fueron para los machos con 46 y 97 g para GDP y GDA respectivamente y en los años el 2011 para GDP y el 2010 para GDA fueron los mejores, con medias de 34 y 65 g. El efecto mes indicó que las mejores ganancias se dieron cuando los pesajes se realizaron en los meses de octubre (176 g para ambas variables). **Conclusiones:** se encontró una amplia variabilidad tanto para GDP como para GDA, lo cual sugiere que hay una amplia gama de factores que influyen sobre ellas, donde aparte del manejo y la disponibilidad de recursos valdría la pena analizar el factor genético de los animales, entre otras variables.

Palabras clave: borregos, corderos, genética, manejo, variabilidad.

Key words: genetics, handling, lambs, variability.

Gene expression of Bax, Bcl-2, Caspases 3, 8 and 9 in spleen, lymph node, bone marrow, liver and kidneys from dogs experimentally infected with *Ehrlichia canis*

*Expresión génica de Bax, Bcl-2, Caspasas 3, 8 y 9 en bazo, nódulo linfóide, médula ósea, hígado y riñón de perros infectados experimentalmente con *Ehrlichia canis**

Irma X Barbosa Sanchez^{1,2}, MVZ, MSc, PhD; Daniel Meneses Souza³, Biol, MSc, cPhD; Teresa de J Oviedo Socarrás^{2,4}, MVZ, MSc, cPhD; Rosangela Zacarias Machado⁵, MV, MSc, PhD; Ricardo T Fujiwara⁶, Biol, Esp, PhD; Anilton C Vasconcelos⁷, MV, Msc, PhD.

¹Laboratorio de Patologías, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad del Tolima, Ibagué, Colombia. ²Laboratório de Apoptose, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brazil. ³Laboratório de Imunologia e Genômica de Parasitos, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Brazil. ⁴Departamento de Ciências Pecuarias, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia. ⁵Laboratório de Inmunoparasitologia, Departamento de Patologia, Faculdade de Ciências Agrarias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista "Julho de Mesquita Filho" campus de Jaboticabal, Brazil. Email: isanchez@ut.edu.co

Background: apoptosis may be an important mechanism for elimination of intracellular pathogens. Infectious agents may interact with multiple regulatory systems inducing or inhibiting apoptosis in host cells, during cell infection. Modulation of death cell may facilitate cell survival of the pathogens and allow their proliferation and dissemination, acting as a Trojan horse, inhibiting the immune response. Some *Ehrlichia* sp. and *Anaplasma* sp. can modulate apoptosis to extend their survival. In this context, apoptosis may contribute distinctively to the progression or regression of the lesions. **Objective:** evaluate the role of apoptosis in Canine Monocytic Ehrlichiosis. **Methods:** seven dogs were assigned into 2 groups, one with 4 animals inoculated intravenously with blood infected with *Ehrlichia canis* (Jaboticabal isolate) (GI) and a control with 3 dogs, inoculated with sterile PBS (GII). Blood samples were collected weekly and 35 days post-inoculation to confirm the infection by nested polymerase chain reaction (nPCR) and immunofluorescence (IFA). Thirty-six days after inoculation the animals were euthanized and samples from spleen, lymph nodes, bone marrow, liver and kidney were collected to carry out measure the mRNAs of Bax, Bcl-2, Caspase 3, Caspase 8 and Caspase 9 important molecules involved in apoptosis - by real-time polymerase chain reaction (RT-PCR). Statistical analyses of the PCR results were performed with the aid of GraphPad Prism software package version 5.0 (GraphPad Software, San Diego, CA, USA). **Results:** inoculated animals became positive for *E. canis* by nPCR already in the second week and by immunofluorescence in the third week after inoculation. The control group showed negative for *E. canis* in all tests. Both pro and anti-apoptotic molecules evaluated in this study showed higher gene expression in tissues of the inoculated group than in the control group. **Conclusion:** we found that in the acute phase of

the experimental disease, *Ehrlichia canis* modulates apoptosis in different ways in distinct tissues and it apoptosis has a role in the progression of the disease.

Key words: *apoptosis, canine monocytic ehrlichiosis, IFA, nPCR, pathways of apoptosis, real-time PCR.*

Palabras clave: *apoptosis, erlichiosis monocítica canina, inmunofluorescencia, nPCR, PCR en tiempo real, vías de apoptosis.*

Heredabilidades para producción de grasa y proteína en vacas Holstein de primera lactancia del departamento de Antioquia, usando modelos de regresión aleatoria*

Fat and protein yield heritabilities in Holstein cows of first lactation in Antioquia state, using random regression models

Oscar D Múnera Bedoya¹, Zoot, cMSc; Ana C Herrera Rios^{1,2}, Zoot, MSc; Andrés F Henao Velásquez¹, Zoot; Luis G González Herrera³, MVZ, MSc, Dr; Mario F Cerón Muñoz^{1,2}, Zoot, MSc, Dr.

*Proyecto "Evaluación genético-económica de bovinos Holstein en sistemas de producción de leche en Antioquia" Colciencias, Corporación Antioquia Holstein, Universidad de Antioquia, Universidad de Córdoba y Universidad de la Florida, contrato 115-502-2684. Apoyo Sostenibilidad 2011-2012. ¹Grupo de investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal (GaMMA), Universidad de Antioquia. ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. ³Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Tecnológica de Pereira y de la Corporación Universitaria Santa Rosa de Cabal. Email: ocardmunera@gmail.com

Introducción: los recientes cambios implementados en el sistema de pago de leche por niveles de sólidos lácteos y la creciente competencia con el mercado internacional crea la necesidad de implementar programas de medición, evaluación y selección de animales genéticamente superiores, conocer la variación de estos metabolitos y estimar heredabilidades en todos los puntos de la lactancia. Los modelos de regresión aleatoria (MRA) permiten cambiar la forma de la curva de producción a través de la selección y estimar componentes de covarianza y parámetros genéticos en cualquier día de la lactancia. **Objetivo:** comparar MRA con diferente orden y hallar heredabilidades para las características producción de grasa y proteína láctea en vacas Holstein de primer parto en Antioquia. **Métodos:** se utilizaron 9549 controles mensuales de 1209 vacas de primera lactancia, el modelo incluyó efectos fijos (número de parto y grupo contemporáneo) y efectos aleatorios (efecto genético directo del animal, y el ambiente permanente y residual). Se usaron MRA con diferentes grados de polinomio ortogonal de Legendre para estimar los coeficientes de la curva fija de la población y la predicción de los efectos genético aditivo directo y de ambiente permanente. Se consideraron varianzas homogéneas y clases de 5, 7 y 10 varianzas residuales heterogéneas. **Resultados:** para producción de grasa, el mejor modelo fue el de cuarto orden para la curva fija de la población y el efecto genético aditivo directo, y de tercer orden para el ambiente permanente con siete varianzas heterogéneas (443-7het). Para proteína, el modelo de quinto orden para la curva media de la población y el efecto genético aditivo directo y de cuarto para el ambiente permanente con cinco varianzas heterogéneas (554-5het) fue el mejor. Las heredabilidades para grasa estuvieron entre 0,13 ± 0,08 (día 290) y 0,38 ± 0,09 (día 1). Para la proteína, la menor heredabilidad se presentó el día 230 (0,17 ± 0,07) y la mayor el día 52 (0,32 ± 0,07). **Conclusión:** para ambas características se presentaron mayores heredabilidades en los puntos cercanos al pico de producción de leche, y los menores hacia el final de la lactancia donde además se presentaron los mayores errores.

Palabras clave: *calidad de leche, componentes de varianza, parámetros genéticos.*

Key words: *genetic parameters, milk quality, variance components.*

Heredabilidades y tendencias genéticas para características de crecimiento en ganado criollo Romosinuano*

Heritabilities and genetic trends for growth traits in cattle creole Romosinuano

Gustavo A Ossa Saraz¹, Zoot, MSc, PhD; Jorge G Noriega Marquez², Est Zoot; Hugo J Narvaez Pérez², Est Zoot; Juan E Pérez García¹, MVZ, Esp; Oscar D Vergara Garay², Zoot, Esp, DrSc.

*Resultados preliminares. ¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria, CI Turipana, Cereté Córdoba. ²Grupo de Investigación en producción Animal Tropical, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Córdoba, Montería. Email: overgara@correo.unicordoba.edu.co

Introducción: la estimación de parámetros genéticos y tendencias genéticas permiten tomar decisiones sobre procesos de conservación y mejoramiento genético en las razas criollas colombianas. **Objetivo:** estimar las heredabilidades y tendencias genéticas para peso al nacer (PN), al destete (PD) y a los 16 meses (P16M) en ganado criollo Romosinuano. **Métodos:** para ello se utilizó información de los años 1960 al 2011 de la base de datos del CI Turipana. Se emplearon modelos uncaracterísticos que incluyeron los efectos fijos de grupo contemporáneo (sexo-época-año), efectos aleatorios genéticos aditivo directo del animal, genéticos aditivos maternos (solo para PN y PD), de ambiente permanente materno (solo para PN y PD) y residual. Los componentes de varianza y los parámetros genéticos fueron estimados a través de Máxima Verosimilitud Restringida, mediante el programa AIREML. **Resultados:** los estimados de heredabilidades directas fueron de 0,19 ± 0,04 para PN, 0,13 ± 0,04 para PD y 0,21 ± 0,05 para P16M. Las heredabilidades maternas para PN y PD fueron 0,003 ± 0,02 y 0,08 ± 0,03, respectivamente. Las correlaciones entre efectos genéticos directos y maternos para PN y PD fueron ambas negativas (-0,49 ± 0,68 y -0,13 ± 0,27). Las tendencias genéticas para efectos genéticos directos para las características en estudio fueron todas positivas (P<0,01). **Conclusiones:** los estimados de heredabilidad sugieren que se deben mejorar las condiciones de nutrición y alimentación para facilitar la expresión de los genes para las características de crecimiento estudiadas.

Palabras clave: *criollo, parámetros genéticos, Romosinuano.*

Key words: *creole, genetic parameters, Romosinuano.*

Lactosa y nitrógeno ureico en leche: variaciones durante la lactancia en vacas Holstein*

Lactose and milk urea nitrogen: fluctuations during lactation in Holstein cows

Andrés F Henao Velásquez¹, Zoot; Oscar D Múnera Bedoya¹, Zoot, MSc; Ana C Herrera Rios^{1,2}, Zoot, MSc; Jorge H Agudelo Trujillo², Zoot, PhD; Mario F Cerón Muñoz^{1,2}, Zoot, Dr.

*Proyecto: "Modelación de la Curva de Lactosa y niveles de Nitrógeno Ureico en Leche en vacas Holstein de Antioquia y su relación con la genética y la reproducción" financiado por CODI Universidad de Antioquia y apoyo de Codi Sostenibilidad 2011-2012. ¹Grupo de investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal (GaMMA), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín. ²Docente de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad de Antioquia.

Email: afelipehenao@gmail.com

Introducción: la modelación de los cambios en los niveles de nitrógeno ureico en leche (MUN) y lactosa (LA) durante el transcurso de la lactancia en sistemas de lechería especializada constituye una alternativa para diagnosticar e interpretar posibles variaciones de los metabolitos lácteos. **Objetivo:** evaluar los niveles de MUN y LA en vacas Holstein y su relación con los días en lactancia (DIM), el volumen de producción de leche (M), el porcentaje de grasa (%F), el porcentaje de proteína (%P) y el recuento de células somáticas (SCC). **Métodos:** se utilizaron 1034 registros de control lechero mensual en los ordeños am y pm de 148 vacas Holstein de primero, segundo y tercer parto, pertenecientes a 16 hatos ubicados en las microcuencas lecheras norte y oriente del departamento de Antioquia (Colombia). Para la modelación de las curvas se utilizó un modelo aditivo generalizado con estimaciones suavizadas (GAMs) con el fin de hallar la mejor intensidad de suavizamiento de los factores que intervienen en la concentración de MUN y LA. Además, se comprobaron los supuestos de normalidad y homocedasticidad de los datos. **Resultados:** en el modelo para MUN, los efectos fijos animal y finca fueron estadísticamente significativos (p<0,05), el efecto grupo contemporáneo fue altamente significativo (p<0,01) y el efecto número de parto no fue estadísticamente significativo. Por su parte las covariables suavizadas DIM y %F fueron altamente significativas (p<0,01), el SCC fue significativo (p<0,05), M y %P no presentaron significancia estadística. En el análisis para el contenido de LA, los efectos fijos animal, finca, número de parto, y grupo contemporáneo presentaron diferencias estadísticas significativas (p<0,05). Las covariables suavizadas M, %F, %P y SCC fueron altamente significativas (p<0,01); los días en lactancia fueron estadísticamente significativos (p<0,05). **Conclusiones:** la variación de los niveles de MUN en el transcurso de la

lactancia está altamente influenciada por el cambio en el los DIM; Los niveles de LA no dependen de los DIM, y se relacionan con el nivel de M, %F, %P y el SCC.

Palabras clave: ganado de leche, metabolitos lácteos, modelo aditivo generalizado.

Key words: dairy cattle, generalized additive model, milk metabolites.

Longevidad de búfalas en Colombia, usando análisis de supervivencia

Longevity of buffalo in Colombia, using survival analysis

Divier A Agudelo Gómez¹, Ind Pec, MSc, cDr; Swammy Y Gutiérrez Molina², Est Zoot; Mario F Cerón Muñoz², Zoot, MSc, Dr; Alejandro Henao³.

¹Corporación Universitaria Lasallista, Facultad de Ciencias Administrativas y Agropecuarias. ²Grupo de Investigación en Genética, Mejoramiento Animal (GaMMA) Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia. CODI Sostenibilidad 2011-2012. ³Bufulera Altamar S.A.
Email: diagudelo@lasallistadocentes.edu.co

Introducción: en los sistemas de producción ganaderos, la longevidad de los animales tiene un efecto sustancial en la rentabilidad del negocio, pues la disminución de descartes involuntarios a causa de problemas reproductivos o de salud permite que el porcentaje de reemplazos de las hembras en el hato sea menor y se puede hacer mayor presión de selección de descartes voluntarios a causa de la baja producción de leche. **Objetivo:** estimar la longevidad de hembras bufalinas doble propósito de tres hatos bufalinos en Colombia. **Métodos:** se usó la base de datos productiva desde 1980 a 2012 de una empresa dedicada a la cría de búfalos doble propósito que cuenta con tres hatos. La información analizada corresponde a 3700 búfalas distribuidas así: Un hato (H1) localizado en el departamento de Córdoba (2284 búfalas) y dos hatos localizados en el departamento de Santander con 1201 (H2) y 215 (H3). Se garantizó que todas las hembras presentaran como mínimo un parto y tuvieran información de fecha de sacrificio o retiro del hato. Las hembras que no tenían fecha de salida o muerte fueron consideradas como datos censurados por la derecha. El análisis fue realizado con la librería *survfit* del programa estadístico R-project, siguiendo la distribución de Weibull. **Resultados:** el número de observaciones reales para H1, H2 y H3 fue de 1237, 895 y 175 y la longevidad estimada o edad de retiro del hato fue de 13,6; 10,3 y 10,8 años, respectivamente. Se observó diferencia altamente significativa ($P < 0,01$) entre el H1 y los otros dos hatos. Entre H2 y H3 no hubo diferencia significativa. Se identificaron 314 búfalas con edad de desecho superior a los 15 años. **Conclusiones:** las hembras bufalinas son animales que presentan una longevidad superior a la reportada para algunas de las razas vacunas doble propósito, este aspecto puede contribuir a que el inventario bufalino del país aumente rápidamente y se tengan bajos costos de producción por la compra de animales de reemplazo.

Palabras clave: ganado doble propósito, habilidad de permanencia, vacas de reemplazo.

Key words: dual-purpose beef, replacement of cows, stayability.

Marcadores en ADN asociados con tolerancia a parásitos externos, hemoparásitos y enfermedades en bovinos criollos

DNA markers related with tolerance to ecto parasites, hemoparasites and diseases in creole cattle

Diego Ortiz Ortega, MV, MSc, PhD; Rodrigo A Martínez Sarmiento, Zoot, MSc, PhD; Yesid J Abuabara Pérez, MVZ; Jaime Gallego, MV; Guillermo Onofre, MVZ; Juan C Fernández, MVZ; Diego Ahumada, MV; Yolanda Gómez Vargas, MV; Diego Bejarano, Zoot; Omar Rodríguez, Zoot; Juan F Martínez, MV.

Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (CORPOICA)
Email: dortiz@corpoica.org.co

Introducción: se desarrolló un estudio de seguimiento para establecer marcadores en ADN de bovinos criollos asociados con tolerancia a parásitos externos y hemoparásitos; la identificación de genes de resistencia o de susceptibilidad son una alternativa para seleccionar animales y disminuir cargas parasitarias. **Objetivo:** desarrollar protocolos para establecer cargas parasitarias y relacionarlas a marcadores. **Métodos:** el trabajo se realizó en centros de investigación de CORPOICA (Turipaná, El Nus, La Libertad). Se realizaron

recuentos de cargas parasitarias (garrapatas y moscas) en 250 animales de las razas evaluadas: Romosinuano (ROMO), Blanco orejinegro (BON), Costeño con Cuernos (CCC) y Sanmartinero (SM). También se tomaron muestras de sangre para evaluar presencia de hemoparásitos y variables hematológicas. Asimismo, algunos de estos animales fueron genotipados utilizando tecnología de microarreglos para estudios de asociación genómica. **Resultados:** la raza CCC mostró mayores recuentos de garrapatas, los cuales se relacionaron con épocas de lluvia; esto coincidió con los mayores recuentos encontrados en potrereros. Por el contrario, la raza con menores recuentos fue SM. El análisis de variables hematológicas demostró que recuentos linfocitarios y de trombocitos estaban asociados con el nivel de carga parasitaria. La prevalencia parcial para la raza CCC fue 32,3% para *Anaplasma marginale*; 10,2%, *Babesia* spp y 0% *Trypanosoma* spp. En la raza ROMO se estimó 31,0% *Anaplasma marginale*, 8,4% *Babesia* spp y 3,8% *Trypanosoma* spp. Los de *Stomoxys calcitrans* y *Hematobia irritans* resultaron altos en BON y CCC en épocas de lluvia. Parámetros genéticos obtenidos para recuento de garrapatas y moscas presentaron valores de heredabilidad de 0,12 y 0,23, respectivamente. En el análisis genómico se encontró que el cromosoma 3 posee un QTL con efecto altamente significativo ($p < 1e-6$), también los cromosomas 1 y 2 ($p < 1e-6$). Con respecto a la carga de moscas, se encontraron posibles QTL's en los cromosomas 4, 5, 6, 9 y X que poseen los SNP más significativos ($p < 1e-6$). Los SNP asociados se ubican en regiones codificantes y no codificantes del genoma. **Conclusión:** estos resultados podrían ayudar a identificar regiones que afectan la expresión de un carácter cuantitativo y que pueden intervenir en fenómenos de resistencia genética a parásitos para efectos de selección.

Palabras clave: ectoparásitos, heredabilidad, razas criollas, selección genómica.

Key words: creole breeds, ectoparasite, genomic selection, heritability.

Mastitis subclínica y su asociación con algunos marcadores genéticos*

Subclinical mastitis and its association with some genetic markers

Nicolás F Ramírez¹, DVM, MSc; Alba Montoya², Biol, MSc; Mario F Cerón Muñoz², Zoot, PhD; David Villar³, DVM, PhD; Luis G Palacio¹ DVM, PhD.

*Proyecto "Diagnóstico, control y prevención de los factores de riesgo asociados a la mastitis bovina en seis municipios de la Microcuencia Lechera del Altiplano Norte en el Departamento de Antioquia, Colombia" financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural de Colombia, Universidad de Antioquia,

COLANTA y Federación de Asociaciones de Ganaderos, FAGA. ¹Línea de Epidemiología y Salud Pública, Grupo de Investigación Centauro, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín Colombia. ²Grupo de Investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal (GaMMA), Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. ³Grupo de Investigación Biogenesis, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia.
Email: nicoramirez2010@gmail.com

Introducción: en los últimos años el interés por los marcadores genéticos asociados a la resistencia a las enfermedades ha ido en aumento y algunos genotipos de los genes DRB3.2 y TLR4 se han propuesto como candidatos para estudiar su asociación con mastitis bovina. **Objetivo:** estudiar la relación entre genotipos de los genes BoLA-DRB3 y TLR4 (T4CRBR2) con la presentación de mastitis subclínica en vacas. **Método:** seguimiento mensual por dos años a 981 vacas en producción de 37 hatos para el diagnóstico de mastitis subclínica y genotipificación para el segundo exón del BoLA DRB3 y de la región 2 de la unión con el correceptor (T4CRBR2) del TLR4 por medio de las técnicas de Reacción en Cadena de la Polimerasa y de Longitud del Polimorfismo del Fragmento de Restricción, respectivamente. Los datos se analizaron por medio de regresión logística. **Resultados:** se efectuaron un total de 55,806 observaciones en 981 vacas de las cuales 80% eran Holstein, 11,6% Holstein x Jersey y 8,0% otras razas o cruces. La media de la prevalencia de MS a nivel de cuarto en el periodo de estudio fue 16,1% (95% IC 12,9 y 19,3) y a nivel de vaca fue de 37,6% (95% IC 31,5 y 43,6). Los microorganismos más frecuentes fueron *Streptococcus agalactiae* y Estafilococo Coagulasa Negativo. El locus BoLa-DRB3 fue altamente polimórfico. Se encontraron 149 alelos para el DRB3.2, los más frecuentes fueron *8 (0,123), *22 (0,095), *24 (0,070). Las frecuencias para ambos alelos del T4CRBR2 A y B fueron de 0,352 y 0,647, respectivamente. Los alelos DRB3.2 *15 y el *8 se asociaron con protección, mientras que el alelo *23 fue el más asociado con la presentación de MS. El *8 se asoció con protección contra *Streptococcus*

agalactiae y el alelo *22 se asoció con resistencia a la infección por ECN, mientras el *23 se asoció con susceptibilidad. No se observó asociación entre T4CRBR2 y MS. **Conclusión:** el gen DRB3.2 bovino puede jugar un papel importante en la resistencia o susceptibilidad a la mastitis subclínica.

Palabras clave: glándula mamaria, marcadores moleculares, selección asistida por marcadores.

Key words: mammary gland, marker assisted selection, molecular markers.

Mejoramiento genético de abejas (*Apis mellifera*) africanizadas en Colombia

Breeding of bees (Apis mellifera) africanized in Colombia

Jorge E Tello Duran^{1,3}, Zoot, MSc, PhD; Giovanni A Vargas Bautista^{1,2}, Zoot, cMSc; Omar Ávila Arenas¹, Zoot; Néstor J Pinzón Laverde¹, Zoot, cMSc.

¹Grupo Apícola de la Universidad Nacional (GAUN), Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D.C., Colombia. ²Grupo de Investigación en Gestión de Empresas Pecuarias (GIGEP), Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D.C., Colombia. ³Profesor Asociado Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá D.C., Colombia.

Email: jetellod@unal.edu.co

Introducción: el mejoramiento genético en la apicultura, busca incrementar la frecuencia de colmenas que producen más que el promedio. El mejoramiento genético se dirige también hacia la mansedumbre mediante la obtención de híbridos, características como mayor capacidad de carga, número de hámulos, lengua más larga, glándula del veneno más grande, especies ecogeográficas seleccionadas hacia la oferta ambiental, la selección y el mejoramiento de abejas hacia la producción. **Objetivo:** implementación de un programa de mejoramiento genético de abejas *Apis mellifera* africanizadas para la producción en la Región Andina. **Métodos:** para el desarrollo de este proyecto se realizó un muestreo de diagnóstico, en 70 apiarios comerciales ubicados en la Sabana de Bogotá y la provincia Guanentina, para selección de las matrices y un segundo muestreo luego de haber introducido material genético seleccionado en los apiarios de producción, se llevaron a cabo cuatro pruebas genéticas: Genes Higiénicos (%GH) Acicalamiento (%AC) Infestación de Varroa en Abeja Adulta (%IVA) e Infestación con Varroa en la Cría (%IVC) y la conformación de un banco genético. **Resultados y Conclusiones:** se observa que el %IVA disminuyó; la zona que más redujo su porcentaje fue Charalá, siendo la zona con mayor infestación inicial de Varroa (5,85%); la zona que presentó menor infestación fue la Sabana de Bogotá en los dos muestreos (2,85%). El %IVA podrá disminuir si se continúa con el programa de selección y mejoramiento. El %IVC aumentó para las zonas de la Sabana y Ocamonte, en esas zonas la Varroa tuvo mayor éxito en reproducirse; contrario a los hallados para las zonas de Charalá y Cincelada, en donde se redujo el índice de infestación en la cría, como era lo esperado. En tres de las cuatro zonas, aumentó el acicalamiento, en Charalá y Cincelada está muy cercano al 50%, es decir, una de cada dos Varroas en la colmenas de estas zonas, es mordida y lesionada, un comportamiento deseable para todas nuestras abejas africanizadas. Una colmena sana es una colmena con alto comportamiento higiénico (superior al 85%); En la Sabana de Bogotá, Charalá y Ocamonte las abejas mejoraron su comportamiento higiénico, gracias a la selección genética.

Palabras clave: africanización, apicultura, pruebas genéticas, Varroa.

Key words: africanization, beekeeping, genetic testing, Varroa.

Modelos de regresión aleatoria para la producción de leche y la función de pago en vacas Holstein del departamento de Antioquia*

Random regression models for milk yield and payment function in Holstein cows of Antioquia state

Oscar D Múnera Bedoya^{1,2}, Zoot, cMSc; Ana C Herrera Ríos^{1,2}, Zoot MSc; Andrés F Henao Velásquez², Zoot; Jeanneth Mosquera Rendón², Ing Bio; Luis G González Herrera², MVZ, MSc, Dr; Mario F Cerón Muñoz^{1,2}, Zoot, MSc, Dr.

*Proyecto "Evaluación genético-económica de bovinos Holstein en sistemas de producción de leche en Antioquia" Colciencias, Corporación Antioquia Holstein, Universidad de Antioquia, Universidad de Córdoba y Universidad de la Florida, contrato 115-502-2684. Apoyo Sostenibilidad 2011-2012. ¹Grupo de investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal (GaMMA), Universidad de Antioquia. ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. ³Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia
Email: oscarmunera@gmail.com

Introducción: los programas de evaluación genética en bovinos de leche buscan mejorar el volumen de leche. El actual sistema de pago al productor crea la necesidad de evaluar el potencial de los animales para maximizar el beneficio económico. Las medidas repetidas de un animal en una lactancia pueden ser analizadas mediante modelos de regresión aleatoria (MRA) que permiten estimar parámetros genéticos en cualquier día de la lactancia. **Objetivo:** estimar heredabilidades para producción de leche e ingresos por venta de leche en cada día de lactancia en hembras Holstein de primer parto de Antioquia por medio de MRA. **Métodos:** partiendo de los niveles de producción en el día de control para leche, grasa y proteína se calcularon los ingresos diarios de cada animal por venta de leche de acuerdo al decreto 017 de 2012 del MADR. Se utilizaron 9549 controles mensuales de 1209 vacas de primera lactancia; el modelo incluyó efectos fijos (número de parto y grupo contemporáneo) y aleatorios (efecto genético directo del animal, y el ambiente permanente y residual). Se usaron MRA con diferentes grados de polinomio ortogonal de Legendre para estimar los coeficientes de la curva fija de la población y la predicción de los efectos genético aditivo directo y de ambiente permanente. Se consideraron varianzas homogéneas y clases de 5, 7 y 10 varianzas residuales heterogéneas. **Resultados:** para producción de leche e ingresos por venta de leche el mejor modelo fue el de quinto orden para la curva fija de la población y de cuarto para el efecto genético aditivo directo y el ambiente permanente con cinco varianzas heterogéneas (544-5het). Para producción de leche se encontraron heredabilidades entre $0,13 \pm 0,07$ en el día 256 y $0,30 \pm 0,08$ en el día 65. Para ingresos por venta de leche la menor heredabilidad se obtuvo el día 187 ($0,12 \pm 0,06$) y las mayores el día 58 ($0,26 \pm 0,08$). **Conclusión:** en ambas características las heredabilidades obtenidas están entre altas y bajas para los diferentes puntos. Los mayores valores se presentan cerca del pico de producción, se sugiere evaluar estos días para seleccionar animales para las características consideradas.

Palabras clave: calidad de leche, evaluación genética, ganado de leche.

Key words: dairy cattle, genetic evaluation, milk quality.

Parámetros zoométricos en la pubertad del ganado blanco orejinegro (BON)

Zoometric parameters in the puberty in black-ear White Cattle (BON)

Rodrigo Palomino Hernandez¹, Est MVZ; Cindy L Villanueva Rodriguez¹, MVZ, cMSc; Ilang S Rondón Barragán^{1,2}, MVZ, MSc.

¹Grupo de Investigación en Inmunología y Fisiopatología Animal – IFA, Departamento de Sanidad Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. ²Grupo de Investigación en Enfermedades Neurodegenerativas, Universidad del Tolima.
Email: iangrondon@gmail.com

Introducción: las razas bovinas criollas representan parte de la riqueza zoogenética del país y requieren estudios que permitan la estandarización de las razas así como el conocimiento de la biología y fisiología, que puedan aplicarse a los diferentes sistemas de producción en los cuales sean requeridos. **Objetivo:** establecer las medidas zoométricas en ganado Blanco Orejinegro (BON) en su etapa de pubertad. **Métodos:** se utilizaron animales puros machos de raza BON, mantenidos en pastoreo extensivo. Los animales ($n=25$) fueron muestreados mensualmente desde el décimo mes de edad hasta la edad de veintinueve meses. Las medidas bovinométricas fueron alzada de la cruz (AC) y grupa (AG), largo del cuerpo (LC), perímetro torácico (PT), peso corporal (PC), largo de cabeza (LCA), ancho de la cabeza (ACA), ancho posterior de la grupa (APG), ancho anterior de la grupa (AAG), largo de la grupa (LG). Los datos fueron sometidos a análisis descriptivo así como a un análisis de regresión múltiple. **Resultados:** las medidas tomadas presentaron valores promedios \pm desviación estándar a los 10 y 21 meses, respectivamente, para AC de $108,81 \pm 5,78$ cm – $123,62 \pm 2,66$ cm y AG de $118,71 \pm 6,90$ cm – $133,12 \pm 5,02$ cm, LC de $104,04 \pm 10,51$ cm – $112,12 \pm 20,33$ cm, PT de $113,71 \pm 8,67$ cm – $152,5 \pm 4,3$ cm, PC de $176,05 \pm 21,35$ Kg – $258 \pm 18,11$

Kg, LCa de 35,83 ± 1,78 cm – 39 ± 1,19 cm, ACa de 15,57 ± 1,28 cm – 18,5 ± 0,75 cm, APG de 7,69 ± 0,67 cm – 12,56 ± 1,23 cm, AAG de 17,95 ± 0,74 cm – 23,87 ± 0,69 cm y LG de 25,14 ± 2,12 cm – 28 ± 2,07 cm. El análisis de regresión múltiple permitió establecer el comportamiento del crecimiento de los animales en la etapa de pubertad, correlacionado con el peso, mostrando como principal predictor el PT ($r^2=0,901$; $p<0,001$) seguido de AG ($r^2=0,784$; $p<0,001$) y AC ($r^2=0,733$; $p<0,001$). **Conclusiones:** se estableció un modelo predictivo basado en medidas zoométricas en la pubertad del ganado BON, que permitirá la evaluación del crecimiento de los animales así como su selección.

Palabras clave: *ganado criollo, parámetros zoométricos, pubertad.*

Key words: *creole cattle, puberty, zoometric parameters.*

Polimorfismo de nucleótidos simple de los genes calpaina, calpastatina y leptina en diez razas bovinas criollas colombianas

Single nucleotide polymorphisms of genes calpain, calpastatin and leptin in ten breeds creole cattle colombian

Juliana A Cuetia¹, Zoot, MSc; Andres M Posso¹, Biol, MSc, cPhD; Manuel F Ariza², MV, PhD; Jaime E Muñoz¹, Ing Agr, Esp, PhD; Luz A Alvarez¹, Zoot, MSc, PhD.

¹Grupo de Recursos Zoogenéticos, Departamento de Ciencia Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira, Colombia. ²Grupo Genética Molecular Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia. Email: laalvarezf@unal.edu.co

Introducción: las características de importancia económica en las especies de producción animal son en su mayoría cuantitativas, su expresión depende de la interacción de muchos pares de genes. Tres de los genes de mayor importancia para la producción, composición y/o calidad sanitaria de la carne son Calpaina (CAPN1), Calpastatina (CAST) y Leptina (LEP). **Objetivo:** estimar las frecuencias alélicas y genotípicas de diferentes Polimorfismos de Nucleótidos Simples (SNPs) en los genes CAPN1, CAST y LEP, en ganado criollo colombiano. **Métodos:** se evaluaron siete marcadores de tipo SNP en 300 muestras de ADN de ocho razas bovinas criollas y dos razas sintéticas colombianas, mediante las técnicas moleculares PCR-RFLP y PCR-SSCP. **Resultados:** las frecuencias de las variantes alélicas de interés, relacionadas con la terneza de la carne en el gen de la Calpaina fueron: 21% para el alelo C de CAPN1 316,64% para el alelo G de CAPN1 530,55% para el alelo C de CAPN1 4751 y 41% para el alelo A de CAPN1 5331. Para el gen de la Calpastatina fueron: 66% para el alelo A de 2959 y 39% para el alelo C de CAST/AluI. La proporción de la variante T del gen LEP, relacionada con el veteadado marmóreo de la carne, fue del 53%. El ganado criollo colombiano (GCC) presentó mayor frecuencia de alelos favorables para los marcadores 530, 4751 y 2959. En conjunto de los tres genes la raza CCC presentó mayor frecuencia en los alelos de interés. **Conclusiones:** los resultados indican que los bovinos criollos colombianos además de estar plenamente adaptados a las condiciones ambientales, ser resistentes a parásitos y poseer un temperamento dócil, también presentan alelos de interés en cuanto a características de calidad de la carne, que pueden ser de gran utilidad para los programas de mejoramiento y conservación.

Palabras clave: *calidad de carne, diversidad genética, marcadores moleculares.*

Key words: *genetic diversity, meat quality, molecular markers.*

Relación entre la trayectoria de crecimiento y el desempeño productivo y reproductivo de novillas Holstein en el valle de Ubaté

Relationship between the trajectory of growth and productive and reproductive performance in Holstein heifer in the Ubaté valley

Dagoberto Carpintero Celemin¹, Zoot; MSc; Yesid Avellaneda², Zoot; MSc.

¹Universidad de Cundinamarca; Facultad de Zootecnia. ²Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria, CORPOICA. Email: yesyesid@gmail.com

Introducción: en Colombia los sistemas de producción de leche especializados restan importancia a las terneras y novillas y sus parámetros de crecimiento, siendo estos los que determinan la calidad de los individuos lactantes que ingresaran al hato. **Objetivo:** determinar la relación de la trayectoria de crecimiento con la curva de lactancia y el desempeño reproductivo en la primera lactancia de novillas Holstein. **Métodos:** se utilizaron registros de crecimiento y primera lactancia de 4 ganaderías de leche, localizadas en el valle de Ubaté, correspondiendo a nacimientos entre 2002 y 2005, de hembras que parieron del 2004 hasta el 2008. Se ajustaron cinco modelos matemáticos de crecimiento y cinco de lactancia a través del procedimiento NLIN del paquete estadístico SAS. Para determinar el efecto de los parámetros de crecimiento sobre la curva de lactancia y eficiencia reproductiva se adelantó un análisis de correlación lineal de Pearson, a través del procedimiento CORR de SAS. **Resultados:** el mejor modelo para describir las curvas de crecimiento de las novillas, de acuerdo a su ajuste en exactitud, precisión y realidad biológica, fue el modelo de Gompertz (R^2 : 0,9932; CMEP: 592,9 y 5% de sobrestimación de parámetros), mientras que el modelo de Wood (R^2 : 0,9534; CMEP: 27,6 y 9% de sobrestimación de parámetros), fue la ecuación que se ajustó mejor a los datos de producción de leche en primera lactancia de novillas Holstein. Se observaron correlaciones significativas de la tasa de maduración del modelo de Gompertz, con la tasa de caída pospico del modelo de Wood (r : -0,17; $P<0,01$) y con la producción estimada a 305 d (r : 0,16; $P<0,05$) y de la ganancia máxima de crecimiento con el tiempo al pico de lactancia (r : 0,21; $P<0,01$), la producción al pico de lactancia (r : 0,25; $P<0,001$) y la producción a 305 días (r : 0,34; $P<0,0001$). No se observó relación estadística entre los parámetros de crecimiento y variables reproductivas evaluadas (servicios por concepción y días abiertos). **Conclusión:** existe una relación positiva entre la velocidad de crecimiento de novillas Holstein y su desempeño durante la primera lactancia en novillas.

Palabras clave: *correlaciones, modelo de Gompertz, modelo de Wood, modelo matemático.*

Key words: *correlations, Gompertz model, mathematical model, Wood model.*

Relación longitud-peso en escalares (*Pterophyllumscaleare*)

Length-weight relationship of Angelfish (Pterophyllumscaleare)

Carmen H Espitia Manrique¹, Zoot, MSc, cPhD; João B Kochenborger Fernandes¹, Zoot, MSc, PhD; Ángel A AriasVigoya^{1,2}, Zoot, MSc, cPhD.

¹Núcleo de Estudos em Peixes Ornamentais Neotropicais (NEON), Centro de Aquicultura da Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho" CAUNESP, Jaboticabal, São Paulo, Brasil. ²Departamento de Morfologia, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho UNESP, Botucatu, São Paulo, Brasil. Email: chespitiam@unal.edu.co

Introducción: el escalare es un pez ornamental nativo de la cuenca del Amazonas, valorado por los acuaristas por su belleza, comportamiento dócil con otras especies y fácil manejo reproductivo en cautiverio, posicionándolo en lugar de destaque entre los peces ornamentales de agua dulce más comercializados a nivel mundial. **Objetivo:** estimar la relación morfométrica entre la longitud y el peso en escalares (*P. scaleare*) durante 233 días. **Métodos:** fueron empleados 600 alevinos con 30 días de edad, 0,2422 ± 0,05 g de peso y 18,9112 ± 1,03 mm de longitud, distribuidos aleatoriamente en 12 acuarios de 200 L en una densidad de 60 alevinos por acuario, debido al tamaño de los peces no fue posible dividirlos en grupos por sexo. Este experimento tuvo una duración de 233 días, las biometrías fueron realizadas a cada 14 días, donde después de un ayuno de 24 horas fueron seleccionados 25 peces de cada acuario para la biometría. Todos los alevinos fueron alimentados cuatro veces por día, con una dieta de iniciación con 36% PB durante los primeros 70 días, hasta el final del experimento recibieron una dieta que contenía 32% PB. Los datos fueron analizados con el paquete estadístico SAS®, empleando la ecuación alométrica linealizada ($\ln peso = \ln a + \ln longitud$). Los valores resultantes de la longitud fueron comparados con una prueba t-student. **Resultados:** la relación entre peso y longitud fue descrita mediante la siguiente regresión $\ln peso = -10,25 + 3,060 \ln longitud$, donde el coeficiente alométrico para esta ecuación fue 3,060 indicando que hubo un crecimiento isométrico, de esta manera el peso y la longitud tuvieron un incremento proporcional a través del tiempo experimental. El coeficiente de determinación fue 0,989 y no hubo diferencia estadística entre los acuarios. **Conclusiones:** bajo las condiciones del presente estudio, se cumplió la ley fisiológica de alometría ($b=3$) donde se estima que el peso varía en función de la longitud a la potencia cúbica. De este modo el peso y la longitud en los escalares aumentó de forma proporcional.

Palabras clave: *alometría, morfometría, peces ornamentales.*

Key words: *allometry, morphometry, ornamental fish.*

Utilizando los valores genéticos obtenidos con modelos de regresión aleatoria - funciones de covarianza: Una aplicación en curvas de lactancia de cabras*

Using breeding values obtained from random regression-covariance function models: An application in dairy goats lactation curves

Carlos Alberto Martínez Niño¹, Zoot, MSc, cPhD; Bibiana Coy Castellanos², Zoot; Samir Julián Calvo Cardona³, Zoot, cDr; Henry Cardona Cadavid³, Zoot, MSc, Dr.

*Financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural. Código: MADR-2008Q7542 y CODI-UdeA Sostenibilidad 2011-2012 para el grupo GaMMA. ¹Department of Animal Sciences, University of Florida, Gainesville, FL, USA. ²Zootecnista Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá. ³Grupo de investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal (GaMMA), Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Email: carlosmn@ufl.edu

Introducción: los modelos de regresión aleatoria-funciones de covarianza (MRAFC) permiten describir componentes de covarianza y valores genéticos (VG) de manera continua. Una vez predichos los coeficientes de regresión aleatorios (CRA) de cada individuo, se pueden construir funciones continuas que describen sus VG (FVG) y se pueden predecir directamente VG para caracteres derivados de estas funciones. **Objetivo:** ejemplificar la utilidad de las FVG para producción de leche, empleando un grupo de cabras lecheras. **Métodos:** se utilizó un conjunto de datos longitudinales compuesto por 221 registros de producción de leche de 21 cabras tipo Saanen de primer parto. Los animales pertenecían a tres apriscos ubicados en Antioquia, Colombia. El MRAFC incluyó efectos fijos de grupo contemporáneo (aprisco-control), edad al primer parto (EPP) y días en leche (DEL) y efectos: genético aditivo directo (EGAD), ambiente permanente directo (EAPD) y residual como aleatorios. En una fase preliminar, se compararon cuatro modelos mediante el criterio de información de Akaike corregido (AICC). Los modelos consideraron polinomios de Legendre de orden dos o tres para modelar EGAD y EAPD y varianzas residuales como funciones escalonadas de DEL o constantes. Una vez predichos los CRA, se construyeron las FVG y se obtuvieron VG para: producción máxima, producción total ajustada a 150 días y persistencia, así como VG máximo y DEL al VG máximo. **Resultados:** el modelo con polinomios de orden dos y varianzas residuales homogéneas fue seleccionado. Las FVG para producción de leche presentaron diferentes formas y se interceptaron. Este comportamiento implica que el ordenamiento de los animales cambio a través de la lactancia. **Conclusiones:** los resultados de este trabajo muestran cómo utilizar las FVG para derivar VG para caracteres que son funciones del carácter original (producción de leche en este caso), sin necesidad de realizar un nuevo análisis para cada uno de ellos. Esta es otra característica atractiva de los MRAFC en adición a las propiedades que tiene el uso de funciones continuas para predecir VG a través de la trayectoria, las cuales no se tienen cuando se emplean predicciones para ciertos puntos de referencia. El cambio de ordenamiento de animales a través de la lactancia debe considerarse para propósitos de selección.

Palabras clave: *datos longitudinales, evaluación genética, parámetros genéticos.*

Key words: *genetic evaluation, genetic parameters, longitudinal data.*