

## Genética y Mejoramiento

### Análisis de la diversidad genética de ganado bovino lechero del trópico alto de Nariño mediante marcadores moleculares heterólogos de tipo microsatélite\*

#### *Analysis of genetic diversity of dairy cattle in the high tropic of Nariño by molecular heterologous microsatellite markers*

Lizeth G Mejía Ortiz<sup>1,2</sup>, Biol; Raquel A Hernández Espinosa<sup>1,2</sup>, Biol; Carol Y Rosero Galindo<sup>1,3</sup>, Biol, MSc, PhD; Carlos E Solarte Portilla<sup>1,3</sup>, Zoot, MSc, PhD.

\*Financiado por: Vicerrectoría de Investigaciones Postgrados y Relaciones Internacionales de la Universidad de Nariño -VIPRI. <sup>1</sup>Línea de Mejoramiento Genético, Grupo de Investigación en Producción y Sanidad Animal, Programa de Zootecnia, Facultad de Ciencias Pecuarias, Universidad de Nariño, Colombia.

<sup>2</sup>Práctica privada. <sup>3</sup>Universidad de Nariño, Colombia.

E-mail: lizethmejia3@gmail.com

**Introducción:** el mejoramiento genético permite la selección de fenotipos con mejores atributos, incrementando la cantidad de razas y la diversidad. Para el trópico alto de Nariño, la diversidad de *Bos taurus*, está representada por razas europeas y el ganado criollo que tiene importantes características adaptativas. Sin embargo, sus poblaciones han disminuido debido a cruzamientos dirigidos a incrementar el volumen productivo de leche, haciendo necesario el desarrollo y diseño de programas de conservación mediante caracterización genética. **Objetivos:** estimar la diversidad genética dentro y entre razas de *Bos taurus* (Holstein, Jersey, Normando, Pardo Suizo y criollo) del trópico alto de Nariño y establecer el grado de absorción del criollo. **Métodos:** se extrajo ADN de sangre de 150 individuos y se amplificó por PCR un panel de once loci microsatélites, fragmentos que fueron genotipificados por secuenciación. Se realizaron análisis multiloci para determinar diversidad y estructura genética, equilibrio H-W, distancias genéticas y grado de absorción del criollo. **Resultados:** la diversidad genética reflejada en el número de alelos por locus (NPA = 10) y la heterocigosidad observada (Ho = 0,7) fue alta, siendo mayor para la raza criolla. El AMOVA evidenció una baja diferenciación genética (FST = 0,0663) para la población total, y pequeña diferenciación entre criollo y Holstein (0,006), quienes tuvieron la identidad más alta (0,87), resultado correspondiente con el análisis de agrupamiento bayesiano, que permitió determinar grado de absorción del núcleo criollo del 56% por la raza Holstein. **Conclusión:** la diversidad alta, supone procesos de adaptación a diferentes ambientes, mezcla de razas y un continuo flujo genético. Esto puede explicarse por la realización de cruces dirigidos al incremento del volumen de producción basado en la raza Holstein, donde la selección intensiva puede conllevar al detrimento de la pureza del ganado criollo e incidir en su capacidad adaptativa.

**Palabras clave:** *introgresión, microsatelites, raza, variabilidad.*

**Keywords:** *breed, introgression, microsatellites, variability.*

### Análisis de las variables que influyen en el crecimiento pos-destete en bovinos de la raza Lucerna y sus cruces

#### *Analysis of variables influenced on post-weaning growth in bovine of Lucerna breed and crosses*

Jorge L López Martínez, Zoot; Edimer D Jaramillo, Est Zoot; Luis G González Herrera, MVZ, MSc, PhD.

Grupo de Investigación en Biodiversidad y Genética Molecular -BIOGEM, Programa de Zootecnia, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín.

E-mail: jollopezma@unal.edu.co

**Introducción:** el crecimiento de los animales es ejemplo de rasgos medidos en repetidas ocasiones a través del tiempo, que cambia gradualmente y se afecta por múltiples factores. **Objetivo:** evaluar el efecto del año de nacimiento (AN), época de nacimiento (EN), finca, componente racial (CR) y sus interacciones, sobre el crecimiento pos-destete de animales de la raza Lucerna y sus cruces. **Métodos:** se analizaron Registros de pesos de 1.384 animales pertenecientes a las Haciendas Lucerna (LUC) y Reserva Natural el Hatico (RNH) en el Valle del Cauca, Colombia, desde 1970 hasta 2015 utilizando el programa SAS. Se incluyeron pesos ajustados cada 60 días desde el destete hasta los 540 días, analizando distintos factores y sus interacciones con finca y EN. El CR se distribuyó así: animales entre 50 - 74% de la raza Lucerna, CRA, entre 75 - 93% CRB y entre 94 - 100% CRC. Se establecieron dos EN, la EN1 (enero-marzo/julio-septiembre) y EN2 (abril-junio/octubre-diciembre). Mediante análisis de varianza y comparación de medias se cuantificó la significancia de los ítems estudiados. **Resultados:** la finca, EN, la interacción EN\*finca y EN\*AN en algunos periodos no fueron significativos. Animales del CRA presentaron mayor crecimiento en la fase estudiada; el crecimiento fluctuó entre CRA y CRB con respecto a CRC. El efecto finca resultó no significativo; la interacción finca\*AN mostró diferencias entre las dos fincas, siendo más perceptible en años posteriores al 2000 y mayor variabilidad en animales de la finca Lucerna. La interacción finca\*EN resultó significativa al final del periodo. A través de los años el efecto EN presentó fluctuaciones en el crecimiento de los animales; para la EN2 el comportamiento del crecimiento es variable a partir de los 420 días. **Conclusión:** se observaron diferencias en el desarrollo de los animales para el crecimiento pos-destete. Análisis como estos son útiles para el productor en la toma de decisiones buscando maximizar influencias deseables en el crecimiento.

**Palabras clave:** *análisis de varianza, composición racial, interacción entre factores, test de medias.*

**Keywords:** *analysis of variance, interaction between factors, racial composition, test means.*

### Asociación del polimorfismo del gen receptor de hormona foliculo estimulante A-320T con características lecheras en el ganado Holstein de Antioquia

#### *Follicle stimulating hormone receptor polymorphism A-320T and its association with dairy traits in Antioquia Holstein cattle*

Stephania Madrid Gaviria, Zoot, MSc, cPhD; Albeiro López Herrera, Zoot, MV, MSc, PhD; José J Echeverri Zuluaga, Zoot, MSc, PhD.

Grupo de Investigación BIOGEM, Departamento de Producción Animal, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín.  
E-mail: smadridg@unal.edu.co

**Introducción:** la hormona foliculo estimulante y su receptor (FSHR) tienen un papel fundamental en la reproducción. Muchos SNP en este receptor están asociados con fallas en la función reproductiva. **Objetivo:** determinar el efecto del SNP A-320T en características lecheras en el ganado Holstein de Antioquia. **Métodos:** se amplificó un fragmento de 970 pb mediante PCR-RFLP, se digirió con la enzima TaqI. Se analizaron 1.240 lactancias de 356 animales. El efecto de los genotipos de FSHR en las características lecheras se estudió con un modelo lineal mixto. Se validaron los supuestos del ANAVA para todas las características, incluyendo la homogeneidad de varianzas, y se transformó el SCC a SCS para lograr la normalidad de los datos, las demás variables no fueron transformadas. Se usó la prueba de Tukey para determinar diferencias significativas entre los genotipos. El efecto de sustitución alélica se evaluó con un modelo de regresión lineal donde los genotipos AA, AT y TT fueron transformados en una escala cuantitativa de 0, 1 y 2 respectivamente, de acuerdo al número de alelos T presentes. **Resultados:** para el ganado Holstein de Antioquia el genotipo más común fue el AT, seguido por el TT y AA con frecuencias de 0,485, 0,417 y 0,096 respectivamente. Las frecuencias alélicas fueron 0,339 y 0,660 para A y T respectivamente. Los genotipos de FSHR no presentaron un efecto significativo sobre las principales características productivas, excepto para el porcentaje de grasa ( $p < 0,01$ ) donde los individuos con genotipo TT presentaron el mayor valor para esta característica. Los resultados indican que el alelo T tiende a mejorar el porcentaje de sólidos en la leche, mientras que el alelo A tiende a mejorar el nivel de producción de leche. Ninguno de los parámetros reproductivos evaluados se vio afectado por este SNP. **Conclusión:** el SNP A-320T no presentó efecto significativo en las principales características lecheras. Esto puede deberse a que estas características son multifactoriales y se ven influenciadas por factores ambientales que pueden enmascarar el efecto de los genes.

**Palabras clave:** FSH, parámetros productivos, parámetros reproductivos, PCR-RFLP, SNP.

**Keywords:** FSH, PCR-RFLP, productive traits, reproductive traits, SNP.

### Caracterización morfológica y determinación de parámetros productivos y reproductivos en ovinos\*

#### *Morphological characterization and determination of productive and reproductive parameter in sheep*

Brayam A Bolívar Rodríguez<sup>1</sup>, Teen prod pec, Est Zoot; Bibiana Suescun Quiroz<sup>1</sup>, Est Zoot; Viviana C Parra Quintero<sup>1</sup>, Teen prom agroec, Est Zoot; Luis F Galeano Vasco<sup>1</sup>, Zoot, MSc, DrSc; Henry Cardona Cadavid<sup>1</sup>, Zoot, MSc, DrSc.

\*Proyecto Sostenibilidad CODI-Universidad de Antioquia al Grupo GAMMA 2014-2015 (E01808). <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal -GAMMA, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Colombia.

E-mail: b-ryan-987@hotmail.com

**Introducción:** actualmente en Colombia, debido a la poca información concerniente a los parámetros morfológicos, productivos y reproductivos en ovinos, se dificulta para proponer objetivos claros en programas de mejoramiento genético bien sea por selección o cruzamiento sin el conocimiento previo de datos referentes en las poblaciones ovinas. **Objetivo:** conocer los parámetros promedios de las características morfológicas, productivas y reproductivas en ovinos. **Métodos:** se analizaron 384 ovinos entre puros y cruzados provenientes de siete reñiles en Antioquia. Se determinaron variables productivas y reproductivas como altura de la cruz (AC), altura anca (AA), ancho tórax (AT), perímetro del barril (PB), longitud corporal (LC), condición corporal (CC), peso adulto (PA), edad al primer servicio (EPS), intervalo entre partos (IP), peso promedio al nacimiento machos-hembras y tipo de parto (TP). Los datos se organizaron en una base de datos y se analizaron mediante estadística descriptiva. **Resultados:** en la raza pura Katahdin las variables en las hembras adultas fueron: AC 66,3 cm ( $\pm 3,4$ ), AA 66,4 ( $\pm 4$  cm), AT 85,4 cm ( $\pm 6,8$ ), PB 109,3 cm ( $\pm 9,8$ ), LC 71,1 cm ( $\pm 3,9$ ), CC 3,3 ( $\pm 0,6$ ), PA 47 Kg ( $\pm 11,7$ ), el peso promedio de hembras al nacimiento fue de 2,66 Kg ( $\pm 0,63$ ), y machos 2,86 Kg ( $\pm 0,63$ ), TP: 67,39% simple, 25,21% doble y 7,4% más de dos crías, el IP fue 9,2 meses ( $\pm 1,16$ ) y EPS 12,7 meses ( $\pm 5,1$ ). En cuanto a la evaluación de los animales cruzados, las medidas de las hembras fueron AC 65,9 cm ( $\pm 4,1$ ), AA 66 ( $\pm 3,8$  cm), AT 80,9 cm ( $\pm 7,3$ ), PB 100 cm ( $\pm 9,6$ ), LC 68,7 cm ( $\pm 5,4$ ), CC 3,3 ( $\pm 0,8$ ), PA 41,1 Kg ( $\pm 9,6$ ), el peso promedio de hembras al nacimiento fue de 2,75 Kg ( $\pm 0,56$ ), y machos 3,38 Kg ( $\pm 0,52$ ), TP: 46,9% simple, 43,8% doble, y 9,4% más de dos crías, el IP fue 7,7 meses ( $\pm 1,7$ ) y EPS 15 meses ( $\pm 4$ ). **Conclusión:** estos son parámetros morfológicos y reproductivos como base de referencia con las particularidades y ambiente de nuestros sistemas de producción.

**Palabras clave:** altura, condición corporal, evaluación genética, peso adulto, peso al nacimiento.

**Keywords:** adult body weight, birth weight, body condition, breeding value, height.

### Comparación de modelos no lineales en la descripción de la curva de lactancia de diferentes componentes raciales de cabras lecheras\*

#### Comparison of non-linear models for describing the lactation curve for different breed components in dairy goats

Antônio S Ferraudo<sup>1</sup>, Mat, MSc, DSc; Yuliana A Blandón Arias<sup>2</sup>, Est Zoot; Samir J Calvo Cardona<sup>3</sup>, Zoot, cDSc; Luis G González Herrera<sup>4</sup>, MVZ, MSc, DSc; Henry Cardona Cadavid<sup>3</sup>, Zoot, MSc, DSc.

\*Financiado por: Colciencias Beca Doctorado Nacional 528/2011 y Sostenibilidad CODI-Universidad de Antioquia al Grupo GaMMA 2014-2015 (E01808). <sup>1</sup>Departamento de Ciências Exatas, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista -UNESP, Campus de Jaboticabal, Brasil. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Católica de Oriente -UCO, Colombia. <sup>3</sup>Grupo de Investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal -GaMMA, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Colombia. <sup>4</sup>Grupo de Investigación en Biodiversidad y Genética Molecular -BIOGEM, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín. E-mail: fsajago@gmail.com

**Introducción:** la representación matemática de la producción de leche a lo largo de la lactancia tiene implicaciones prácticas en el manejo reproductivo, nutricional y de mejoramiento genético de las cabras. Por esta razón se utilizan modelos que predican la producción en cualquier intervalo de días en leche, tiempo al pico, pico de producción y persistencia. Estas características determinan la trayectoria de la curva de lactación y son afectadas por factores genéticos, fisiológicos y nutricionales. **Objetivo:** comparar diez modelos no lineales para la caracterización de la curva de lactancia de los diferentes componentes raciales de cabras lecheras. **Métodos:** se utilizaron 4.160 registros de leche (467 lactancias) pertenecientes al programa de control lechero realizado por la UdeA y ASOCABRA en 14 apriscos de Antioquia, entre los años de 2007 y 2011. Se incluyeron en los análisis: hembras con componentes raciales Alpina, Saanen y mestizas. Animales con más de tres controles lecheros tomados en intervalo de 210 días de lactación, hembras con el primer control antes de los 60 días y producciones por encima de 0,2 litros y por debajo de 8 litros. Los Análisis fueron realizados utilizando la librería nls2 del programa estadístico R-Project (3.1.3). **Resultados:** los mejores modelos fueron los que presentaron menores valores para los criterios de selección de Akaike y Bayesiano (AIC y BIC). El modelo que mejor ajustó a los datos de las cabras alpinas y mestizas fue el propuesto por Nelder (1966). El modelo de Wood (1967) fue el que mejor caracterizó las curvas de lactancia del tipo racial Saanen. **Conclusión:** los modelos no lineales utilizados describen de forma eficiente el comportamiento de la curva de lactancia de diferentes componentes raciales de cabras lecheras. Hay diferencias marcadas entre las curvas de los diferentes componentes raciales de cabras lecheras de Antioquia, Colombia.

**Palabras clave:** control lechero, persistencia, pico de lactancia, producción de leche, tiempo al pico.

**Keywords:** lactation pick, milk control, milk yield, persistence, time to lactation pick.

### Conectividad entre grupos contemporáneos de un rebaño bufalino\*

#### Connectedness among contemporary groups in a buffalo herd

Jhare J Taborda Yepes<sup>1</sup>, Est Zoot; Divier A Agudelo Gómez<sup>1</sup>, MSc, cPhD; Diana C Barrera Rivera<sup>1</sup>, cMSc; Juan D Corrales Álvarez<sup>2</sup>, MSc, cPhD; Mario F Cerón Muñoz<sup>1</sup>, MSc, PhD.

\*Financiado por: Proyecto "Modelos de regresión aleatoria e índices de selección en ganado bufalino doble propósito en Colombia" 8714-2013-5025, Joven Investigador 2014-2015 CODI. Estrategia de Sostenibilidad CODI-UdeA. 2014 E01808. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal -GaMMA, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Colombia. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de La Salle, Bogotá, Colombia. E-mail: jharety32@hotmail.com

**Introducción:** la conectividad dentro de una evaluación genética puede afectar la exactitud, la confiabilidad de la comparación entre los animales y consecuentemente la respuesta a la selección. Un requisito importante para la estimación de los valores de cría, es la existencia de conectividad genética entre los grupos contemporáneos (GC) dentro de la evaluación, por lo tanto, su cálculo se considera necesario en los programas de mejoramiento genético que apliquen selección a partir de las DEPs o PTA. **Objetivo:** estimar la conectividad de grupos contemporáneos de un rebaño bufalino dentro de una evaluación genética para características de área de ojo del lomo y grasa subcutánea. **Métodos:** se calculó el coeficiente de conectividad genética de 7 GC dentro de un rebaño bufalino con 179 individuos en total y una base genealógica de 7.086 animales en 16 generaciones. El coeficiente de conectividad fue calculado mediante el valor de varianza de la deriva genética debido principalmente a que está traza la transferencia de genes de un GC al siguiente, donde la conectividad genética entre GC =  $VgGC_i + VgGC_j - 2cov(GC_i, GC_j)$ , donde  $Vg$  es la varianza genética de los GC  $j$  e  $i$ , y  $cov$  la covarianza entre los GC  $j$  e  $i$ . **Resultados:** los grupos contemporáneos tuvieron entre 9 y 47 animales, con una varianza de deriva genética entre 0,01 y 0,21, indicando que los grupos presentaron una alta conectividad. **Conclusión:** la alta conectividad indica que existe relación genética entre los individuos pertenecientes a los diferentes GC dentro de la evaluación genética y por lo tanto la posibilidad de interpretar los resultados con mayor confiabilidad. El coeficiente de conectividad es una herramienta para evaluar la relación existente entre diferentes GC.

**Palabras clave:** confiabilidad, deriva genética, valor de cría.

**Keywords:** breeding value, genetic drift, reliability.

**Descripción de la influencia de época de nacimiento, año de nacimiento, finca, componente racial y sus interacciones sobre el crecimiento en animales de la raza Lucerna y sus cruces**

*Description of the influence of time of birth, year of birth, farm, race, and their interactions over growth in Lucerne animals breed and its crosses*

Edimer D Jaramillo, Est Zoot; Luis G González Herrera, MVZ, MSc, PhD.

*Grupo de Investigación en Biodiversidad y Genética Molecular -BIOGEM, Programa de Zootecnia, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín.  
E-mail: edavidja@unal.edu.co*

**Introducción:** existen factores que deben tenerse en cuenta para establecer una curva que se adapte al crecimiento del animal, tales como; el ambiente, características cronológicas, condiciones de manejo, etc. **Objetivo:** evaluar el efecto del año de nacimiento (AN), época de nacimiento (EN), finca, componente racial (CR) y sus interacciones, en crecimiento de animales de la raza Lucerna y sus cruces hasta el destete. **Métodos:** se utilizaron registros de pesos colectados en las Haciendas Lucerna (LUC) y Reserva Natural el Hatico (RNH) en el Valle del Cauca, Colombia, recopilados entre los años 1970 - 2015. Se analizaron registros de 1384 animales. Fue utilizado el programa SAS (versión 9.4). Se trabajaron pesos ajustados cada 60 días hasta 240 días (destete); el CR se distribuyó así: animales entre 50 - 74% de la raza Lucerna componen el CR A, entre 75 - 93% CR B y entre 94 - 100% CR C. Se establecieron dos EN, EN1 (enero-marzo y julio-septiembre) y EN2 (abril-junio y octubre-diciembre). Mediante análisis de varianza y comparación de medias utilizando el procedimiento proc glm se cuantificó la significancia de los ítems en estudio. **Resultados:** los efectos estudiados fueron significativos al 1% ( $p < 0,01$ ), no obstante, en algunos periodos específicos no lo fueron. Efectos significativos y relevantes son presentados a continuación: animales del CR B presentaron mayor crecimiento al inicio y del CR A al final del destete, con valores iniciales de  $57,54 \pm 0,69$ ,  $56,81 \pm 1,06$ , y finales de  $116,99 \pm 1,62$ ,  $118,88 \pm 2,46$ , respectivamente. Al día 120, animales de EN2 presentaron mayor crecimiento, con valores de  $78,99 \pm 1,02$  y  $81,31 \pm 1,04$ , para EN1 y EN2, respectivamente. Las interacciones difieren entre los años 1998 - 2006. **Conclusión:** se observaron diferencias en el desarrollo de los animales para los efectos estudiados. Herramientas como esta son útiles para el productor para tomar medidas de manejo en pro de minimizar influencias adversas sobre el crecimiento.

**Palabras clave:** análisis de varianza, comparación de medias, pesos ajustados.

**Keywords:** adjusted weight, analysis of variance, comparison of means.

**Descripción del crecimiento de ovinos de pelo utilizando el modelo Brody en dos poblaciones ovinas del departamento de Córdoba (Colombia)\***

*Description of the growth of hair sheep using the Brody model in two sheep population of the department of Córdoba (Colombia)*

Juan C Simanca Sotelo<sup>1</sup>, MVZ, Esp; Moris de J Bustamante Yáñez<sup>1</sup>, MVZ, Esp; Hernán I Medina Ríos<sup>2</sup>, Est MVZ; Oscar D Vergara Garay, Zoot, Esp, DrSc.

*\*Financiado por: División de Investigación, Universidad de Córdoba. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Producción Animal Tropical, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Córdoba, Colombia. <sup>2</sup>Grupo de Investigación en Producción Animal Tropical, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Córdoba, Colombia.  
E-mail: j.c.simanca@hotmail.com*

**Introducción:** el crecimiento animal se puede describir a través de funciones matemáticas que predicen el comportamiento del peso vivo durante la vida del individuo. Estas funciones matemáticas permiten realizar evaluaciones sobre el desempeño productivo de los animales en los sistemas de producción bajo condiciones ambientales determinadas. **Objetivo:** el objetivo de este estudio fue describir el crecimiento de ovinos criollos en condiciones de pastoreo extensivo utilizando el modelo Brody en una población del departamento de Córdoba, Colombia. **Métodos:** se utilizaron 607 pesajes de 48 animales nacidos entre los meses de noviembre del 2013 y abril del 2014, pertenecientes a dos apriscos ubicados en el municipio de Montería y Sahagún, Córdoba (Colombia). Los animales fueron pesados al nacer y después cada 15 días hasta una edad aproximada de seis meses. Los estimados del modelo Brody ( $y_i = A(1 - Be^{-Kt})$ ) se obtuvieron mediante el procedimiento NLIN de SAS (9.2), considerando los efectos fijos de finca y sexo. **Resultados:** se encontró que el estimado para A fue de  $32,8 \pm 12,9$ , para B de  $0,904 \pm 0,067$  y para K de  $0,0047 \pm 0,003$  ( $R^2 = 0,985$ ). No se encontró efecto significativo ( $p > 0,05$ ) del sexo sobre A, B y K. Se encontró efecto significativo ( $p \leq 0,05$ ) de la finca sobre K. El porcentaje de madurez estimada a los cuatro y seis meses fue  $45,6 \pm 19\%$  y  $56,3 \pm 21\%$ , respectivamente. La edad al 75% de madurez fue de  $412 \pm 293$  días y al 95% de madurez de  $918 \pm 633$  días. **Conclusión:** de acuerdo a los resultados obtenidos, se sugiere que se deben mejorar las condiciones de alimentación con el fin de mejorar el desempeño productivo de los ovinos criollos en condiciones de pastoreo del trópico bajo colombiano.

**Palabras clave:** criollo, modelación, parámetros, pesos, porcentaje a la madurez.

**Keywords:** creole, maturity, modeling, parameters, weights.



### Desempeño productivo de una raza sintética de cuyes formada en Nariño (Colombia)\*

#### *Productive performance of a synthetic breed of guinea pigs in Nariño (Colombia)*

Diana M David Martínez<sup>1</sup>, Zoot; Paula A Escobar Zambrano<sup>1</sup>, Zoot; Carlos E Solarte Portilla<sup>1</sup>, Zoot, PhD; William O Burgos Paz<sup>1</sup>, Zoot, PhD.

\*Financiado por: Vicerrectoría de Investigaciones, Postgrados y Relaciones Internacionales, Universidad de Nariño, Acuerdo 116 de agosto 27 de 2012. Trabajo derivado del proyecto: Evaluación y Selección Genética Multirracional del *Cavia porcellus* para las características de importancia económica en Nariño, Colombia. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Producción y Sanidad Animal –Cuyes, Programa de Mejoramiento Genético Animal, Programa de Zootecnia, Departamento de Producción y Procesamiento Animal, Facultad de Ciencias Pecuarias, Universidad de Nariño, San Juan de Pasto, Colombia. E-mail: diana.david.m@hotmail.com

**Introducción:** Nariño se destaca por la producción y consumo de cuyes, con una demanda insatisfecha y la necesidad de incrementar la productividad de las empresas cuyícolas. El mejoramiento genético en cuyes se orienta hacia la utilización de líneas mejoradas foráneas. Sin embargo, Nariño cuenta con un recurso genético nativo adaptado que no ha sido evaluado para obtener un mayor rendimiento productivo y reproductivo de la especie. **Objetivo:** obtener una raza sintética de cuyes a partir de dos poblaciones puras, una nativa de Nariño (N) y otra peruana (P), y evaluar su peso a diferentes edades. **Métodos:** la raza sintética se formó mediante un sistema dialélico de cruzamiento alterno que inició con 20 machos y 120 hembras de cada población, hasta llegar a las composiciones raciales 5/8P\_3/8N y 3/8P\_5/8N, donde se realizó apareamientos inter se durante una generación. Los animales puros y cruzados fueron pesados al nacimiento (PN), al destete (PD), a las cuatro (P4) y ocho (P8) semanas de edad. El efecto de la composición racial fue evaluado mediante análisis de varianza que además consideraron los efectos de tamaño de camada, número de parto y sexo. **Resultados:** el efecto de raza contribuyó a encontrar diferencias significativas ( $p < 0,05$ ) para PN y P4. Los pesos de la proporción racial 5/8P\_3/8N fueron:  $141,9 \pm 36,8$  g (PN),  $282,5 \pm 105,2$  g (PD),  $462,9 \pm 145,4$  g (P4) y  $635,1 \pm 101,8$  g (P8); mientras la proporción racial 3/8N\_5/8P obtuvo pesos de  $129,5 \pm 23,03$  g,  $260,2 \pm 44,2$  g,  $402,6 \pm 75,6$  g y  $607,6 \pm 143,6$  g, respectivamente. **Conclusión:** la superioridad de la proporción 5/8P\_3/8N puede deberse a los genes procedentes de la población peruana, destacada por su mejor desempeño productivo debido al trabajo de selección y mejoramiento al cual ha sido sometida. La baja productividad de la raza nativa afecta el desempeño de los animales con proporción racial mayoritaria, aunque se destaca por su facilidad de adaptación y resistencia a condiciones ambientales desfavorables.

**Palabras clave:** cruzamientos, inter se, mejoramiento genético, proporción racial.

**Keywords:** breed composition, crossbreed, genetic improvement, inter se.

### Estimación de parámetros genéticos para producción de leche, constituyentes e mozzarella en buffalos Murrah\*

#### *Estimation of genetic parameters for milk yield, constituents, and mozzarella of Murrah buffaloes*

Jessica L Gonzales Guzman<sup>1</sup>, cMSc; Naudin Hurtado Lugo<sup>1,4</sup>, Zoot, MSc, PhD; Francisco R de Araujo Neto<sup>2</sup>, MSc, PhD; Rúsbel R Aspilcueta Borquis<sup>3</sup>, Zoot, MSc, PhD; Daniel Santos<sup>1</sup>, MV, MSc; Humberto Tonhati<sup>1</sup>, Zoot, MSc.

\*Financed by: Grant 2009/53773-1, São Paulo Research Foundation (FAPESP, São Paulo, Brasil) and National Council of Technological and Scientific Development (CNPq, Brasília, DF, Brasil). <sup>1</sup>Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias –UNESP, Jaboticabal, SP, Brasil. <sup>2</sup>Instituto Federal Goiano, Rio Verde, Goiás, Brasil. <sup>3</sup>Universidade Federal da Grande Dourados, Mato Grosso do Sul, Brasil. <sup>4</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Colombia.

E-mail: jesloreguzman@misen.edu.co

**Introdução:** o aproveitamento do leite em bubalinos do Brasil tem experimentado crescente aumento e assumido grande importância a produção de queijo mozzarella. A composição do leite bubalina possibilita um maior rendimento na produção deste produto, no entanto este depende do teor de gordura e proteína. **Objetivo:** estimar parâmetros genéticos para produção de leite, gordura, proteína e mozzarella para produções truncadas aos 270 dias de lactação. **Métodos:** foram analisadas produções de leite (PL), gordura (PG), proteína (PP) e mozzarella (PMOZZ) truncada aos 270 dias da lactação, considerando 9.318, 2.885, 2.885 e 2.885 lactações, respectivamente. Foram consideradas 15 gerações, totalizando 14.279 animais na matriz de parentesco. Os componentes de (co) variância para a estimação dos parâmetros genéticos foram obtidos usando o método da máxima verossimilhança restrita aplicada a um modelo animal, em análises uni-caráter. Os efeitos fixos considerados foram o grupo contemporâneo (rebanho e ano de parto) e ordem da lactação. Como efeitos aleatórios foram considerados o efeito genético aditivo, o efeito de ambiente permanente e o efeito residual. **Resultados:** as médias ajustadas para os valores fenotípicos das produções acumuladas até os 270 dias da lactação foram PL (1.873,00 Kg), PP (80,84 Kg), PG (122,40 Kg) e PMOZZ (80,84 Kg). As herdabilidades estimadas para as PL, PG, PP e PMOZZ foram 0,22, 0,25, 0,26 e 0,24, respectivamente. **Conclusão:** os resultados indicam considerável variabilidade genética para a produção de leite, constituintes e mozzarella na população estudada. Conseqüentemente as produções acumuladas até 270 dias de lactação, podem ser consideradas em programas de seleção para aumentar a quantidade total de leite, constituintes e mozzarella em bubalinos da raça Murrah.

**Palavras chave:** grama, herdabilidade, proteína, variabilidade genética.

**Keywords:** fat, genetic variability, heritability, protein.

### Estructura genética de una población Holstein en Antioquia usando el polimorfismo 1892T/C del gen PPARGC1A

#### *Genetic structure of a Holstein population in Antioquia using the polymorphisms 1892T/C of PPARGC1A gene*

Juan D Rodríguez, Zoot, cMSc; Albeiro López Herrera, Zoot, MV, MSc, DrSci; Julian Echeverri, Zoot, MSc, PhD.

Grupo BIOGEM, Universidad Nacional, Sede Medellín.  
E-mail: jdrodrign@unal.edu.co

**Introducción:** la población de ganado Holstein en Colombia surge a partir de genética importada, con individuos que se han adaptado a las condiciones climáticas y topográficas del trópico alto colombiano. En Colombia no hay programas de evaluación genética que aporten a la identificación de individuos superiores para características de importancia económica en producción lechera. Los marcadores moleculares son una herramienta importante para el estudio de la estructura genética de poblaciones. El gen bovino PPARGC1A y sus variantes pueden estar asociados con algunas características de importancia económica en el sistema de producción de leche. **Objetivo:** determinar la estructura genética de una población Holstein en Antioquia usando el polimorfismo 1892T/C del gen bovino PPARGC1A. **Métodos:** una población de 301 animales, distribuida en seis subpoblaciones en Antioquia, fue genotipificada usando PCR-RFLP. El programa Arlequin 3,5 fue usado para determinar los estadísticos F de Wright y el equilibrio de Hardy-Weinberg. **Resultados:** las frecuencias alélicas para el polimorfismo 1892T/C fueron T (0,21) y C (0,79). Solamente La subpoblación de San Pedro presentó desvíos en el equilibrio de Hardy-Weinberg. La estructura genética de la población mostró baja diferenciación entre las subpoblaciones, donde el FST medio para el polimorfismo 1892T/C fue 0,00533. Además, se encontraron niveles bajos de endogamia Fit: 0,0526. En cuanto a la estructura de los individuos respecto a las subpoblaciones se observó niveles bajos de homocigosis Fis: 0,057. **Conclusión:** los resultados mostraron una población genéticamente estructurada, con subpoblaciones poco diferenciadas, sin rastros de selección para el gen PPARGC1A. Por otra parte, una tendencia a la homocigosis se encontró en la subpoblación San Pedro, esto puede ser debido al uso más frecuente de semen importado que se le da en la subpoblación de San Pedro al ganado lechero.

**Palabras clave:** equilibrio HW, estadísticos-F, PCR-RFLP.

**Keywords:** F-statistics, HW equilibrium, PCR-RFLP.

### Estructura genética poblacional del gen del transductor de señal y activador de la transcripción 5 bovino (STAT5) en vacas Holstein del departamento de Antioquia\*

#### *Population genetic structure of the signal transducers and activator of transcription gene (STAT5) in Holstein breed in the department of Antioquia*

Melissa García Valencia<sup>1</sup>, Zoot, (c)MSc; Nancy Rodríguez Colorado<sup>1</sup>, Zoot, MSc, cPhD; Jose J Echeverri Zuluaga<sup>2</sup>, Zoot, MSc, PhD; Albeiro López Herrera<sup>2</sup>, Zoot, MV, MSc, PhD.

\*Financiado por: COLCIENCIAS y la Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín, a través de dos proyectos "Efecto de la nutrición sobre la asociación de los polimorfismos de 4 genes (BGH, PRL, STAT5 e IGF2a) con características productivas y reproductivas en ganado Holstein del Departamento de Antioquia", contrato No. 317-2013. <sup>1</sup>Grupo BIOGEM, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín.  
E-mail: megarciava@unal.edu.co

**Introducción:** el gen STAT5 hace parte de los principales factores de transcripción implicados en la inducción de la expresión de genes que codifican para de proteínas de la leche, después de la inducción hormonal. En otras latitudes y con ambientes diferentes, se ha demostrado asociación de los polimorfismos de STAT5 con características de producción y composición de la leche. Esto soporta la necesidad de explorar las frecuencias genéticas de este polimorfismo en Antioquia, como paso inicial en el estudio del efecto del mismo sobre caracteres de importancia en producción lechera. **Objetivo:** determinar las frecuencias alélicas y genotípicas del SNP12195 y estimar algunos parámetros de estructura poblacional en ganado Holstein de Antioquia. **Métodos:** 138 vacas Holstein procedentes de seis hatos antioqueños distribuidas en los municipios de San Pedro de los milagros, Belmira, Medellín, La Unión y Bello fueron usadas en la investigación. La genotipificación se llevó a cabo usando la técnica de PCR-RFLPs. La heterocigocidad observada (Ho) y esperada (He), la prueba exacta de Hardy-Weinberg (HW) y la estructura y diferenciación genética entre las poblaciones (Fst, FIS y FIT) se calcularon utilizando el software GenALex6. **Resultados:** en el locus, se encontraron dos alelos, previamente descritos por otros autores, G y C con frecuencias 0,496 y 0,503 respectivamente, estos dieron lugar a tres genotipos GG (0,25), GC (0,49), y CC (0,26). Las poblaciones no mostraron desvíos significativos ( $p \leq 0,05$ ) para el análisis de equilibrio de HW. Los valores FIS, FST y FIT de la población fueron 0,013, 0,018 y 0,031, indicando que las subpoblaciones no se separan significativamente de un apareamiento al azar, estos resultados coinciden con otras poblaciones de Holstein de mundo reportadas. **Conclusión:** el gen STAT5 no ha sido objeto de selección genética directa ni de otras fuerzas génicas que sugieran cambios en la estructura de las diferentes poblaciones.

**Palabras clave:** estructura poblacional, PCR-RFLP, selección por marcadores moleculares.

**Keywords:** molecular markers selection, PCR-RFLP, population structure.

### Estructura y diversidad genética del gen *stearoyl CoA desaturasa (SCD1)* en ganado Holstein de Antioquia\*

#### *Structure and genetic diversity of stearoyl CoA desaturase gene (SCD1) in Holstein cattle from Antioquia*

Sorany M Barrientos Grajales<sup>1</sup>, Zoot, MSc, (c)PhD; Melissa García Valencia<sup>1</sup>, Zoot, (c)MSc; José J Echeverri Zuluaga<sup>1</sup>, Zoot, MSc, PhD; Diana M Bolívar Vergara<sup>1</sup>, Zoot, MSc, PhD.

\*Financiado por: Convocatoria del Programa Nacional de Proyectos para el Fortalecimiento de la Investigación, la Creación y la Innovación en Posgrados de la Universidad Nacional de Colombia 2013-2015, Código quipu 201010012969. <sup>1</sup>Grupo de investigación BIOGEM, Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín.  
E-mail: smbarrie@unal.edu.co

**Introducción:** el gen SCD1 codifica para la enzima delta 9 desaturasa, la cual es importante para la síntesis endógena de ácido linoleico conjugado (CLA) en la glándula mamaria de los rumiantes. Dentro del ORF, se ha reportado un SNP que causa una sustitución de valina (V) por alanina (A) en el residuo 293 de la proteína. **Objetivos:** analizar la estructura y diversidad genética del gen SCD1 en una población de ganado Holstein de Antioquia. **Métodos:** se tomaron muestras de sangre de 341 vacas de los municipios de San Pedro, Belmira, La Unión y Medellín. Se genotificaron los animales a través de la técnica de PCR-RFLP utilizando la enzima de restricción *SatI*. Las frecuencias alélicas y genotípicas, el equilibrio de Hardy-Weinberg (HW) y la estimación de los estadísticos F de Wright se realizaron con el software GenAlEx. **Resultados:** las frecuencias para los genotipos AA, AV y VV fueron de 51, 34 y 13% respectivamente para la población total. Las poblaciones se encontraron en equilibrio de HW menos el municipio de Medellín ( $p < 0,001$ ). Los FIS, FIT y FST para la población global fueron 0,189, 0,202 y 0,016 respectivamente, indicando una diferenciación pequeña entre las subpoblaciones. Los FST entre poblaciones fueron de 0,003 para La Unión y Belmira, 0,012 para Belmira y San Pedro, 0,004 para Belmira y Medellín, 0,003 para San Pedro y La Unión, 0,014 para La Unión y Medellín y 0 para Belmira y San Pedro. El número de migrantes (Nm) para la población global fue de 15,08. **Conclusión:** los valores de FST pareados indican que las poblaciones son panmíticas en donde los genotipos se asocian al azar y existe un elevado flujo genético entre ellas, jugando la migración génica (intercambio de reproductores) un papel importante de equalizador genético en la población, provocando una baja diferenciación genética entre las poblaciones.

**Palabras clave:** *genotipos, Hardy-Weinberg, PCR-RFLP.*

**Keywords:** *genotype, Hardy-Weinberg, PCR-RFLP.*

### Estudio retrospectivo sobre la ocurrencia de hernia umbilical en neonatos equinos de raza Polo Argentino y su posible asociación genética en tres criaderos en la Sabana de Bogotá, Colombia

#### *Retrospective study about the occurrence of umbilical hernia Argentine Polo breed foals and their possible genetic association in three breeding stables in the Sabana de Bogotá, Colombia*

Jennyfer Ruiz Jiménez Ruiz, MV; Leonardo Acosta Romero, MV; José A Espinosa Salazar, MV, MSc.

Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de La Salle, Bogotá, Colombia.

E-mail: jrui20@unisalle.edu.co

**Introducción:** la hernia umbilical en neonatos equinos se puede presentar por diferentes factores, entre los que se encuentran la asociación al mecanismo de herencia. Es importante conocer la asociación entre la hernia umbilical y su heredabilidad. El propósito de este estudio retrospectivo fue identificar el padrillo responsable de transmitir el mayor número de hernias umbilicales a su progenie en la raza Polo Argentino y estimar el sexo de mayor presentación, ya que no hay reporte alguno sobre la ocurrencia de casos de hernias umbilicales en Colombia. **Objetivo:** estudiar la relación de seis padrillos de la raza Polo Argentino, como reproductores y su posible transmisión de hernia umbilical a su progenie en tres criaderos de la Sabana de Bogotá. **Métodos:** la información recolectada incluye los siguientes datos: fecha de nacimiento, identificación y sexo del neonato equino, nombre del padre, nombre de la madre, presencia o no de hernia umbilical, entre los años 2010 y 2012. Los seis padrillos usados como reproductores para este estudio, fueron denominados con las letras del alfabeto A, B, C, X, Y, Z. La probabilidad de transmisión de hernia umbilical se calculó utilizando la prueba de hipótesis de Poisson ( $p \leq 0,05$ ) y la estadística descriptiva. **Resultados:** se obtuvo un total de 134 nacimientos de neonatos equinos durante los tres años, donde se encontraron 69 (51,4%) animales sin hernia y 65 (48,5%) con hernia umbilical. El presente estudio demostró diferencia estadísticamente significativa con un 95% de confianza para decir que el padrillo A presentó el 74,1% en su progenie hernia umbilical y el 25,8% de sus crías nacieron sin hernia, mientras que el padrillo y mostró el 8,3% de su progenie hernia umbilical y el 91,6% no presentaron. **Conclusión:** el estudio reportó que en equinos, las hembras son más susceptibles a ser afectadas que los machos por las hernias umbilicales, con un 57%, mostrando una influencia de género, lo que podría estar ligado al cromosoma X, que se encuentra relacionado con la formación del sistema músculo esquelético.

**Palabras clave:** *congénito, hernia umbilical, mecanismo de herencia, padrillo, potros.*

**Keywords:** *congenital, foals, inheritance mechanism, stallion, umbilical hernia.*

### Evaluación de los efectos ambientales sobre la curva de lactancia de cabras lecheras\*

#### *Evaluation of environmental effects on lactation curve in dairy goats*

Kely T Henao Gil<sup>1</sup>, Est Zoot; Samir J Calvo Cardona<sup>2</sup>, Zoot, (c)DSc; Luis G González Herrera<sup>3</sup>, Zoot, MSc, DSc; Henry Cardona Cadavid<sup>2</sup>, Zoot, MSc, DSc.

\*Financiado por: COLCIENCIAS Beca Doctorado Nacional 528/2011 y Sostenibilidad CODI-Universidad de Antioquia al Grupo GaMMA 2014-2015 (E01808). <sup>1</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, Zootecnia, Universidad Católica de Oriente, Colombia. <sup>2</sup>Grupo de Investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal -GaMMA, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Colombia. <sup>3</sup>Grupo de Investigación en Biodiversidad y Genética Molecular -BIOGEM.  
Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín.  
E-mail: tatiana.henao.gil@gmail.com

**Introducción:** varios estudios han identificado el modelo de Nelder (1966) como el que mejor ajusta los datos de producción láctea en cabras. Las funciones de los modelos tiempo al pico, pico de producción y persistencia pueden ser estimados a partir de los parámetros de las curvas de lactancia y con base en ello, observar la influencia de efectos ambientales sobre la lactancia como son el orden y la época de parto y el manejo nutricional. **Objetivo:** estimar las funciones que caracterizan las curvas de lactancia: tiempo al pico, producción al pico y persistencia para cada animal y ver el efecto del orden de parto y la época de parto y el manejo nutricional sobre estas funciones. **Métodos:** se hizo control lechero cada 15 días, se utilizaron 4.160 controles (467 lactancias), del programa de control lechero realizado por la UdeA y ASOCABRA. En el análisis fueron incluidos animales con más de tres controles por animal medidos en lactancias de 210 días, hembras con producciones de leche por encima de 0,2 litros y por debajo de 8 litros. Los análisis estadísticos fueron realizados utilizando el programa R-project 3.1.3. **Resultados:** la producción al pico para la curva promedio de la población analizada fue de 1,97 litros alcanzados a los 7 días de lactación con una persistencia del 67%. Se encontró un efecto significativo ( $p < 0,05$ ) del número de parto y de la alimentación sobre las variables pico de producción, tiempo al pico y persistencia de la lactancia. El efecto de la época de parto sobre las funciones que caracterizan las curvas de lactancia no fue significativo ( $p > 0,05$ ). **Conclusión:** el modelo de Nelder (1966) describe de forma eficiente las curvas de las cabras lecheras de Antioquia para cada aprisco, orden y época de parto. Con respecto a los resultados obtenidos se pueden tomar decisiones sobre la alimentación y la selección de las cabras teniendo en cuenta la trayectoria y las funciones que caracterizan las curvas de lactancia por orden de parto.

**Palabras clave:** modelos no lineales, persistencia, pico de lactancia, producción de leche, tiempo al pico.

**Keywords:** lactation pick, milk yield, non-lineals models, persistence, time to lactation pick.

### Evaluación de modelos matemáticos no lineales para describir el crecimiento de cabras cruzadas

#### *Evaluation of nonlinear mathematical models to describe the growth of goats crossed*

Sandrih T Ortega Sánchez, Zoot; Ciro A Ordoñez Gómez, Zoot; Daniel A Hernández Villamizar, Zoot.

Universidad Francisco de Paula Santander, Ocaña, Colombia.  
E-mail: stortegas@ufps.edu.co

**Introducción:** el análisis del crecimiento es un insumo importante para la toma de decisiones en una explotación pecuaria. **Objetivo:** evaluar modelos matemáticos no lineales para describir el crecimiento de cabras producto del cruzamiento de las razas Sannen, Alpina, Nubiana y criolla. **Métodos:** el presente trabajo se realizó en la sección de caprinos de la granja experimental de la Universidad Francisco de Paula Santander, Ocaña, Norte de Santander. Se analizaron los registros de pesajes mensuales, desde octubre de 2014 hasta abril de 2015, de 18 hembras cruzadas con diferencias en la composición racial, las cuales se encontraban en levante en ese periodo. Con los registros se estableció la edad de los animales al momento del pesaje, calculándola con la fecha de nacimiento. Los datos se sometieron a análisis de regresión no lineal de acuerdo a los modelos Gompertz [ $Y = A * \exp(-\exp(K - c * X))$ ], Richard [ $Y = A * (1 - K * \exp(-c * X))^d$ ] y logístico [ $Y = A / (1 + K * \exp(-c * X))$ ], donde A es el peso al aproximarse a la asíntota horizontal, el cual se interpreta como el peso adulto, K es un parámetro de ajuste, c es un índice de maduración y d se refiere al punto de inflexión. El análisis de los datos se realizó utilizando los paquetes NLIN y REG del programa SAS (Ver. 9.2, SAS Institute, Cary, NC). El ajuste del modelo se evaluó de acuerdo al cuadrado medio del error de predicción (MSEP). **Resultados:** de acuerdo al MSEP el modelo con mejor ajuste fue el logístico (MSEP = 27,3). Siendo así, el peso de los animales se puede describir como, peso (Kg) =  $30,7 / (1 + 5,7 * \exp(-0,0113 * \text{edad}))$ ;  $p < 0,01$ . De acuerdo a este modelo el peso adulto estimado para las cabras fue 30,7 Kg, interpretado como el parámetro A del modelo. El modelo logístico se observó como una herramienta adecuada para estudiar el crecimiento de cabras cruzadas y la toma de decisiones en esta especie. **Conclusión:** el modelo logístico describió de mejor manera el crecimiento de las cabras cruzadas.

**Palabras clave:** modelo Gompertz, modelo logístico, modelo Richard, MSEP.

**Keywords:** Gompertz model, logistic model, MSEP, Richard model.



### Evaluación del espesor de grasa del anca y de la producción lechera en vacas y búfalas de un hato del Magdalena Medio colombiano

#### *Evaluation of rump fat and milk production in cows and buffalos females in a herd of Colombian Magdalena Medio*

Juan C Velásquez Mosquera, MV, MSc; Geovanny Mendoza Sánchez, MVZ, PhD; Andrea del P Uribe Díaz, MV, MSc, PhD.

Grupo Reproducción y Mejoramiento en animales Tropicales -REMEAT, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Unisalle, Colombia.  
E-mail: jvelasquez@unisalle.edu.co

**Introducción:** el ultrasonido en tiempo real es una técnica no invasiva usada para estimar la grasa subcutánea en diferentes especies domesticas con fines productivos y de selección. **Objetivos:** determinar cómo varia la condición corporal estimada como espesor de grasa del anca (EGA) por ultrasonido y registrar la producción de leche (PL) en vacas y búfalas doble propósito durante la lactancia en un hato del magdalena medio. **Métodos:** se seleccionaron un grupo de vacas y búfalas con fecha de parto durante el primer bimestre de 2015. En vacas de los cruces Cebú comercial x Holstein y Gyr x Holstein (n = 15) y en búfalas mestizas de las razas Murrah, Mediterráneo y Jafarabadi (n = 16). Se está midiendo durante la lactancia de las hembras bovinas y bufalinas el EGA, desde el parto y cada 90 días hasta finalizar lactancia. Las imágenes ecográficas de EGA están siendo obtenidas utilizando un transductor lineal de 3,5 MHz. La producción de leche (PL) en vacas y búfalas se está registrando usando el lector del ordeño mecánico mensualmente. Se determinaron promedios para PL, y EGA y se realizaron análisis de varianza usando Statgraphics XV. **Resultados:** en vacas y búfalas el EGA fue de  $3,84 \pm 2,45$  mm y  $5,50 \pm 0,57$  mm al inicio del primer tercio de lactancia y de  $2,45 \pm 0,48$  mm y  $4,48 \pm 2,41$  mm al inicio del segundo tercio de lactancia, respectivamente. La PL en vacas y búfalas al inicio del primer tercio fue de  $5,9 \pm 0,56$  Kg/día y  $5,2 \pm 1,91$  Kg/día y en el segundo tercio fue de  $5,6$  Kg/día y de  $5,1 \pm 1,19$  Kg/día, respectivamente. **Conclusión:** la evaluación del EGA hasta el segundo tercio de lactancia ha revelado una menor disminución de la grasa subcutánea en búfalas en comparación de vacas lactantes. Se espera conocer durante cada tercio de lactancia como se moviliza la grasa subcutánea en función de la producción de leche en vacas y búfalas. El ultrasonido ha demostrado ser una herramienta efectiva para monitorear la condición corporal en vacas y búfalas durante la lactancia.

**Palabras clave:** búfalo, condición corporal, producción lechera, ultrasonido, vaca.

**Keywords:** body condition, buffalo, cow, ultrasound, yield milk.

### Evaluación genética para área del ojo del lomo en ovinos\*

#### *Genetic evaluation to loin eye area in sheep*

José M Ortiz Guzmán<sup>1</sup>, Est Zoot; Juan D Tamayo Mejía<sup>1</sup>, Est Zoot; Samir J Calvo Cardona<sup>1</sup>, Zoot; Sebastián Pineda Sierra<sup>1</sup>, Zoot; Henry Cardona Cadavid<sup>1</sup>, Zoot, MSc, DrSc; Elkin Arboleda Zapata<sup>1</sup>, Zoot, MSc.

\*Financiado por: Proyecto "Evaluación genética de características cárnicas en ovinos". 2013, Proyecto código CLAg-CODI-UdeA 8714-2013-5030 y Sostenibilidad CODI-Universidad de Antioquia al Grupo GaMMA 2014-2015 E01808. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal -GaMMA, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Colombia.

E-mail: jose.ortizootecnista@gmail.com

**Introducción:** la evaluación genética para el área del ojo del lomo (AOL) en ovinos es una herramienta para mejorar productiva y económicamente la calidad y cantidad de carne en los rediles dedicados a este tipo de producción. **Objetivo:** realizar evaluaciones genéticas para el AOL en ovinos. **Métodos:** la investigación fue realizada en dos granjas, tanto con animales Katahdin puros (redil 1), como mestizos (redil 2), donde se recopiló información genealógica y productiva de los animales evaluados, se estandarizó el método de medición mediante ultrasonografía y se estableció la correlación entre las diferentes características evaluadas. Los datos de ultrasonografía fueron recopilados entre los meses enero y octubre de 2014, los animales fueron evaluados desde los tres meses de edad. Para la toma de imágenes se ubicó la sonda en el espacio intercostal de las costillas 12 y 13, para lo que se usó el ecógrafo ALOKA y transductor de 3,5 MHz de frecuencia, una vez tomadas las imágenes, se analizaron mediante el software Image Viewer. Para la estimación de los parámetros genéticos se utilizó el programa MTDf-REML con un modelo animal uní-variado y los animales fueron agrupados por grupos contemporáneos. **Resultados:** se obtuvo una heredabilidad de la característica AOL que para la población de los rediles fue de 40% ( $h^2 = 0,4$ ); en cuanto al AOL, se encontró un área promedio en el primer redil de  $16,65$  (DE  $6,60$  cm<sup>2</sup>), y en el segundo de  $12,74$  (DE  $2,76$  cm<sup>2</sup>). En machos se tuvo un área promedio de  $19,5$  y  $12,74$  cm<sup>2</sup> de AOL y en hembras de  $21,74$  y  $15,62$  cm<sup>2</sup> para el primer y segundo redil respectivamente. **Conclusión:** la información generada servirá a los productores y asociaciones como base para realizar programas de mejoramiento genético para calidad y cantidad de la carne en sus granjas, siendo estos los primeros parámetros de referencia para programas de mejoramiento genético para AOL en ovinos en Colombia.

**Palabras clave:** genealogía, heredabilidad, Katahdin, ultrasonografía, valor genético.

**Keywords:** breeding value, genealogy, heritability, Katahdin, ultrasonography.

## Frecuencias alélicas ajustadas de polimorfismos para genes pit1, beta-lactoglobulina y kappa-caseína en una muestra con individuos relacionados\*

### *Allele frequency adjusted for genes pit1, beta-lactoglobuline and kappa-casein in samples with related individuals*

Juan D Corrales Álvarez<sup>1,2</sup>, Zoot, MSc, cDr; Mario F Cerón Muñoz<sup>1</sup>, Zoot, MSc, PhD; José L Gualdrón Duarte<sup>3</sup>, Zoot, cDr; Carolina García Baccino<sup>3</sup>, Ing, Agr, cDr.

\*Financiado por: Apoyo estrategia de Sostenibilidad CODI-UdeA. 2014 E01808 del Grupo GaMMA. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal -GaMMA, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Colombia. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de La Salle, Bogotá, Colombia. <sup>3</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía Universidad de Buenos Aires, Argentina.  
E-mail: jdcorrales@unisalle.edu.co

**Introducción:** el cálculo de las frecuencias alélicas de una población requiere un muestreo aleatorio independiente de los alelos que se están transmitiendo en la población. Sin embargo, la existencia de individuos relacionados en poblaciones bajo selección donde el tamaño efectivo es pequeño, dificulta el cálculo de las frecuencias para asegurar el supuesto de independencia. Por tal motivo, es necesario corregir o ajustar las frecuencias alélicas en individuos emparentados. **Objetivo:** el objetivo de este trabajo es calcular las frecuencias alélicas ajustadas para los polimorfismos de nucleótido simple (SNP) de los genes kapa-caseína (K-Cs), beta-lactoglobulina (B-LG) y Pit1 en la población Holstein de Antioquia. **Métodos:** 150 vacas Holstein con registro de padre y madre fueron genotipadas para los SNPs K-Cs, B-LG y Pit1 mediante la técnica PCR-RFLP. El ajuste de las frecuencias alélicas se realizó mediante la fórmula  $a^* = \text{inv}(u \uparrow K u \uparrow) K X$ , donde  $\text{inv}$  es la función inversa de ( $\cdot$ ),  $K$  la inversa de la matriz de coeficientes de Malecot,  $u$  es un vector de 1s y  $X$  es un vector o matriz con 1, 0,5 y 0 si el individuo contiene dos, una o ninguna copia del alelo B (alelo referencia), la fórmula fue programada en el software R. **Resultados:** las frecuencias alélicas ajustadas (y no ajustadas) del alelo B fueron de 0,78 (0,75), 0,56 (0,57) y 0,17 (0,19) para el gen pit1, B-LG y K-Cs, respectivamente. **Conclusión:** si bien las frecuencias con y sin ajuste no difieren mucho en la muestra del estudio, resultados de diferentes escenarios simulados mostraron que una alta variación en las frecuencias alélicas ( $>0,20$ ) cuando los individuos están altamente relacionados o en núcleos muy cerrados. Las frecuencias alélicas utilizando la matriz de coeficientes de Malecot como ajuste, es una excelente metodología dado que permite determinar frecuencias alélicas asumiendo independencia de los individuos muestreados, evitando la sobre/subestimación de frecuencias en genes de interés.

**Palabras clave:** frecuencia alélica, genotipo, SNP.

**Keywords:** allele frequency, genotype, SNP.

## Frecuencias alélicas y características del BovineLD chip utilizado en vacas Holstein de Antioquia

### *Allele frequencies and characteristics of BovineLD chip used in Holstein cows from Antioquia*

Juan C Rincón Flórez<sup>1</sup>, Zoot, MSc, cPhD; Albeiro López Herrera<sup>2</sup>, Zoot, Vet, MSc, PhD; Julián Echeverri Zuluaga<sup>2</sup>, Zoot, MSc, PhD.

<sup>1</sup>Programa de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Colombia. <sup>2</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia.

E-mail: rincon.juan@utp.edu.co

**Introducción:** el chip bovineLD contiene 6909 SNPs y ha sido propuesto para programas de selección genómica acompañado de metodologías de imputación, en diferentes razas de ganado bovino. Se desconoce si los marcadores incluidos en el chip están segregando en las diferentes poblaciones. **Objetivo:** determinar las frecuencias del alelo menor en ganado Holstein de Antioquia, para los diferentes marcadores presentes en el chip de genotipado bovineLD y su ubicación en el genoma. **Métodos:** se seleccionaron 150 animales para la extracción de DNA de sangre o semen (113 vacas y 37 toros) y se procedió al genotipado con el Chip bovineLD (Illumina, San Diego CA). Se determinó que la prueba de datos perdidos fuera inferior al 0,1%. Se declararon como datos perdidos los genotipos con errores mendelianos usando el software plink v1.07 y R. Los SNPs presentes en el chip fueron mapeados mediante la herramienta variant effect predictor usando el ensamblaje del genoma bovino UMD 3.1 **Resultados:** la frecuencia del alelo menor para la mayoría de los marcadores en el chip fue alta, lo que aumenta la probabilidad de encontrar loci importantes segregando en la población. La mayor parte de las variantes presentes en el chip (58%) se encontraron en regiones intergénicas y sólo una pequeña parte se encontró en regiones codificantes, UTRs ó variantes corriente arriba o abajo de un gen, de tal manera que biológicamente puedan ser sugeridas como mutaciones causativas, aunque es claro que algunas mutaciones en regiones no codificantes pueden presentar algún tipo de relación con QTLs específicos. **Conclusión:** la mayoría de marcadores en el Holstein de Antioquia presentaron frecuencias intermedias, debido a que los chips de genotipado son sesgados hacia variantes comunes. Además, la mayoría de los SNPs que se encuentran presentes en el chip están ubicados en regiones a las cuales no se les puede atribuir una consecuencia biológica evidente.

**Palabras clave:** ganado lechero, selección genómica, SNPs.

**Keywords:** dairy cattle, genomic selection, SNPs.

### Inclusión de epístasis en modelos de evaluación para características de canal en bovinos de carne

#### *Epistatic effects in genetics models for carcass traits in beef cattle*

Johanna Ramírez Díaz<sup>1,2</sup>, Zoot, PhD; Joanir Pereira Eler<sup>1</sup>, Zoot, PhD; José B Stearman Ferraz<sup>1</sup>, Zoot, PhD; Miguel H Santana, Zoot, MSc, PhD; Marina de Nadai Bonin, Zoot, Msc, PhD; Gerson Barreto Mourao<sup>1</sup>, Zoot, PhD.

\*Financiado por: *Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior -CAPES.* <sup>1</sup>Universidade de Sao Paulo, Brasil.  
E-mail: jhanaun@gmail.com

**Introducción:** la inclusión de efectos genéticos no aditivos en modelos de evaluación genética podrían mejorar la predicción de parámetros y valores genéticos en poblaciones multirraciales. **Objetivo:** estimar parámetros genéticos para características de calidad de carcasa en modelos que consideran efectos genéticos no aditivos. **Métodos:** imágenes del área de ojo del lomo (AOL), espesor de grasa subcutánea (EGS) y espesor de grasa del anca (EGA) fueron obtenidos por ultrasonido (UTS) en 1.352 bovinos montana tropical y empleados para la estimación de parámetros genéticos por medio de modelos uni-característica. La información pertenece al Grupo de Mejoramiento Animal e Biotecnología, de la Facultad de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidad de Sao Paulo. Las mediciones fueron obtenidas por UTS con equipo Aloka SSD 500 con transductor lineal y guía acústica acoplada. AOL y EGS fueron obtenidas posicionando el transductor longitudinalmente en la 12ª y 13ª costilla y transversalmente al *Longissimus dorsi*. Las imágenes de EGA fueron obtenidas en la intersección del músculo *Gluteus medius* y *Biceps femoris* y analizadas utilizando el programa LINCE. La edad promedio de los animales medidos fue de 618 días. El modelo consideró como covariables el manejo y el técnico de UTS, como efectos fijos consideró el grupo de contemporáneos, el efecto de epístasis, y de heterocigosis individual y materna y la composición genética individual (desvío de N) y como aleatorios consideró los efectos genéticos aditivos directos y maternos. El efecto de la heterocigosis y de epístasis fue calculado de acuerdo con Mackinnon *et al.* (1996) y Dickerson (1973) respectivamente. El GC fue conformado por finca, año de nacimiento, sexo y grupo de manejo. **Resultados:** los componentes de variancia aditiva y fenotípica fueron  $6,7 \pm 4,3$  y  $60,7 \pm 2,5$  (AOL);  $0,13 \pm 0,07$  y  $0,9 \pm 0,03$  (EGS);  $0,25 \pm 1,7$  y  $1,7 \pm 0,1$  (EGA). La herebilidad estimada fue 0,11 (AOL), 0,14 (EGS) y 0,12 (EGA).

**Palabras clave:** *efectos genéticos no aditivos, modelos mixtos, multirracional, producción de carne.*

**Keywords:** *beef production, mixed models, multibreed, non-additive genetics effects.*

### Interação genótipo ambiente em búfalos leiteiros do Brasil e Colômbia: estudo preliminar\*

#### *Genotype by environment interaction for dairy buffaloes in Brazil and Colombia: a preliminary study*

Naudin A Hurtado Lugo<sup>1,4</sup>, Zoot, MSc, PhD; Francisco R de Araujo Neto<sup>2</sup>, MSc, PhD; Rusbel R Aspilcueta Borquis<sup>3</sup>, Zoot, MSc, PhD; Daniel J Santos<sup>1</sup>, Vet, MSc; Cristina Herrera<sup>1</sup>, Zoot, MSc; Mario F Cerón<sup>4</sup>, Zoot, MSc, PhD; Humberto Tonhati<sup>1</sup>, Zoot, MSc, PhD.

\*Financed by: *Grant 2009/53773-1, São Paulo Research Foundation (FAPESP, Brasil) and National Council of Technological and Scientific Development (CNPq, Brasília, DF, Brasil).* <sup>1</sup>Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias –UNESP, Jaboticabal, Brasil. <sup>2</sup>Instituto Federal Goiano, Rio Verde, Goiás, Brasil. <sup>3</sup>Universidade Federal da Grande Dourados, Mato Grosso do Sul, Brasil. <sup>4</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Colombia.  
E-mail: nhurtado.lugo@gmail.com

**Introdução:** as pesquisas desenvolvidas em gado leiteiro empregam o modelo de norma de reação adaptativa (NxR), via regressão aleatória (RRM), que permite generalizar as variáveis de interesse para um número infinito de ambientes. Desta forma, pode-se estudar o efeito de interação genótipo ambiente (IGA), já que no modelo pode-se considerar que a expressão de um genótipo em diferentes ambientes seja descrita como uma função linear de um gradiente ambiental (GA). **Objetivo:** o objetivo deste estudo foi estudar os efeitos da IGA para a PL270 usando NxR via RRM uni-característicos em búfalas de primeiro parto. **Métodos:** em todos os modelos, as estimações dos componentes de covariância foram obtidas via RRM em modelos animais por inferência Bayesiana (Gibbs3f90). No modelo padrão foram considerados como efeitos fixos: grupo contemporâneo, número de ordenhas e a curva média de lactação da população modelada por meio de um polinômio ortogonal de Legendre de segunda ordem. Além disso foram incluídos os efeitos aleatórios genéticos aditivos (terceira ordem) e o resíduo. Na análise do NxR os componentes de variâncias foram regredidos sobre a média da PL270 e ajustada para seis classes de GA. **Resultados:** no RRM as estimativas dos componentes de variância e herdabilidade da PL270, tenderam a aumentar conforme maior o desvio-padrão fenotípico, e evidenciaram-se efeito de escala. As estimativas de herdabilidades dos GA para Brasil e Colômbia, variaram desde 0,68 até 0,10 e desde 0,58 até 0,27, respectivamente. As estimativas de correlação genética variaram desde 1,00 até 0,61 e desde 0,99 até 0,10, respectivamente. **Conclusão:** foi confirmada a presença da IGA, demonstrando diferenças significativas na PL270 em função das variações gradativas do ambiente.

**Palavras chave:** *desvio padrão, herdabilidade, produção, uni-característica.*

**Keywords:** *heritability, standard deviation, uni-trait, yield.*

### Papel de la muerte celular programada en los procesos de tiernización de la carne bovina\*

#### *Role of programmed cell death in the processes of tenderizing beef*

Yurany T Ortiz Sánchez<sup>1</sup>, Zoot, cMSc; Manuel F Ariza Botero<sup>1</sup>, MV, MSc, PhD; Susan L Castro Molina<sup>1</sup>, Bact, MSc; Marcela Ríos Rodríguez<sup>1</sup>, Biol, MSc; Joel D Leal<sup>1</sup>, Zoot, MSc; Ariel Jiménez Rodríguez<sup>2</sup>, MV, MSc.

\*Financiado por: COLCIENCIAS. <sup>1</sup>Grupo Genética Molecular Animal, Departamento de Producción Animal, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia. <sup>2</sup>Asociación Colombiana de Criadores de Ganado Cebú -ASOCEBU.  
E-mail: ytortiz@unal.edu.co

**Introducción:** la terneza es una de las variables determinantes de la calidad de la carne; sin embargo, también es uno de los que posee las mayores variaciones; estas han sido ampliamente estudiadas por diferentes autores, que encontraron que dichas variaciones pueden ser atribuidas a factores genéticos, medio ambientales, además del manejo *ante* y *post-mortem*. **Objetivo:** el objetivo de este estudio fue estimar el efecto del mecanismo apoptótico celular sobre la terneza de la carne evaluada mediante la asociación de SNPs de proteínas de choque (Hsp27, Hsp70) y DNAJA1, a la terneza de la carne medida en los músculos *Semitendinosus* (ST) y *Longissimus dorsi* (LD), sometidos a maduración por 7 días. **Métodos:** el estudio se llevó a cabo en una población de 164 progenies *Bos indicus* y sus cruces provenientes de ganaderías de la micro región del sur del Cesar, las mediciones instrumentales se hicieron usando la metodología SSF, se hizo el amplificado de las muestras mediante la metodología de PCR para los SNPs de los genes (HspB1, HspA1A, DNAJA1) y el genotipado de los mismos usando las metodologías SSCP y RFLP; los análisis de asociación se hicieron mediante del procedimiento GLM de SAS®; **Resultados:** no se encontró asociación alguna de ninguno de los marcadores postulados para este estudio; la medición de las frecuencias alélicas de cada uno de los marcadores se hizo utilizando el programa GenAIEx 6.5, arrojó como resultado una alta frecuencia de los alelos normales para los marcadores (HspA1A-1: 0,555; HspA1A-2: 0,966) y para los marcadores (DNAJA1-1: 1,00; DNAJA1-2: 0,906); Dentro de la población objetivo se logró evidenciar la presencia de animales polimórficos para los genes estudiados; sin embargo no hubo asociación de estos polimorfismos a las mediciones instrumentales de terneza de la carne madurada durante siete días, **Conclusión:** se hace necesario profundizar en los estudios referentes al tema de la muerte celular programa tomando como base este estudio.

**Palabras clave:** *apoptosis, HSPS, marcador, SNP, terneza.*

**Keywords:** *apoptosis, HSPS, marker, SNP, tenderness.*

### Parámetros genéticos para peso al destete de cuyes (*Cavia porcellus*) de Nariño (Colombia) mediante inferencia bayesiana\*

#### *Genetic parameters for weaning weight in guinea pigs (Cavia porcellus) from Nariño (Colombia) using bayesian inference*

Carlos Calvache Eraso<sup>1</sup>, Zoot; Carlos E Solarte Portilla<sup>1</sup>, Zoot, PhD; William O Burgos Paz<sup>1</sup>, Zoot, PhD.

\*Financiado por: Vicerrectoría de Investigaciones, Postgrados y Relaciones Internacionales, Universidad de Nariño, Acuerdo 116 de agosto 27 de 2012. Trabajo derivado del proyecto: Evaluación y Selección Genética Multirracial del *Cavia porcellus* para las características de importancia económica en Nariño, Colombia. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Producción y Sanidad Animal – Programa de Mejoramiento Genético Animal, Programa de Zootecnia, Departamento de Producción y Procesamiento Animal, Facultad de Ciencias Pecuarias, Universidad de Nariño, San Juan de Pasto, Colombia.  
E-mail: carlosnel0112@hotmail.com

**Introducción:** el cuy es una especie ligada a la cultura productiva del departamento de Nariño en Colombia y contribuye a la seguridad alimentaria de familias del sector rural. Para estimar parámetros genéticos de rasgos de suma importancia en su producción, como el peso al destete (PD), se ha empleado métodos de inferencia frecuentista. Una alternativa para estimar dichos parámetros se basa en la inferencia bayesiana usando el muestreo de Gibbs y permite cuantificar el error de estimación basado en la probabilidad condicional de los datos. **Objetivo:** estimar parámetros genéticos y componentes de varianza para peso al destete en cuyes mediante inferencia bayesiana. **Métodos:** datos genealógicos (2.470 animales) y registros de pesaje de PD (2.392 animales) a los 15 días de edad fueron recopilados en el centro cuyícola de la granja experimental “Botana”, propiedad de la Universidad de Nariño. Los registros de PD se analizaron bajo un modelo animal con efectos de ambiente permanente y común de camada. Los efectos fijos fueron sexo, número de parto, tamaño de camada y grupo contemporáneo. Los componentes de varianza fueron estimados a través del muestreo de Gibbs. **Resultados:** la media posterior de la heredabilidad para PD fue  $0,1272 \pm 0,062$ . Por su parte, el efecto de camada capturó cerca del 50% de la varianza fenotípica ( $c^2 = 0,449 \pm 0,03$ ), mientras que el efecto materno ( $m^2 = 0,055 \pm 0,03$ ) está influenciado posiblemente por condiciones de manejo. El análisis mostró que los individuos nacidos en tercer parto y tamaño de camada pequeño alcanzan un mejor peso. **Conclusión:** el modelo bayesiano permitió estimar parámetros genéticos similares a los reportados con otras aproximaciones. No obstante, la variabilidad inherente en los efectos valorados demuestra su gran utilidad para la selección por mérito genético en esta especie. Por otra parte, es necesario analizar aspectos del manejo de las madres antes del destete, como el uso de jaulas individuales, para incrementar la precisión de las estimaciones en núcleos de selección.

**Palabras clave:** *muestreo de Gibbs, mejoramiento genético, probabilidad condicional.*

**Keywords:** *conditional probability, genetic improvement, Gibbs sampling.*



**Parámetros genéticos y tendencias genéticas para características pre-destete en una población de ganado Brahman en el municipio de Planeta Rica, Córdoba (Colombia)**

**Genetic parameters and genetic trends for pre-weaning traits in Brahman cattle population in the municipality of Planeta Rica, Córdoba (Colombia)**

Kevin Hernández López<sup>1</sup>, Est MVZ; Álvaro Navarro Ramos<sup>1</sup>, Est MVZ; Roberto Almanza Loaiza<sup>2</sup>, MV; Oscar Vergara Garay<sup>1</sup>, Zoot, Dr Sc.

<sup>1</sup>Grupo de Investigación en Producción Animal Tropical, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Córdoba, Montería, Córdoba, Colombia.

<sup>2</sup>Gencaribe, Hacienda Abastecedora de Carnes S.A. Planeta Rica, Córdoba, Colombia.

E-mail: kevvelo@hotmail.com

**Introducción:** el mejoramiento genético tiene como objetivo aumentar la frecuencia de aquellos genes relacionados con caracteres considerados favorables en una población de animales, por lo que la selección se ha convertido en una herramienta de gran utilidad para tal fin. **Objetivo:** estimar las heredabilidades y tendencias genéticas para pesos al nacimiento (PN) y peso al destete ajustado a los 240 días (PD) en ganado Brahman en la hacienda La Abastecedora. **Métodos:** se utilizó información de los años 1999 al 2013 de la base de datos de la hacienda La Abastecedora de los cuales 4.919 registros para PN y 3.840 de PD. Se utilizó un modelo uni-carácter que incluyó los efectos fijos de grupo contemporáneo (año-época-sexo) y número de partos de la madre, efectos aleatorios genéticos aditivo directo del animal, genéticos aditivos maternos y de ambiente permanente materno. Los componentes de varianza y los parámetros genéticos fueron estimados a través de máxima verosimilitud restringida, mediante el programa AIREML. **Resultados:** la media para PN fue de 37,61 Kg, mientras que para PD fue de 20,30 Kg. La heredabilidad directa para PN fue  $0,07 \pm 0,025$  y para PD de  $0,07 \pm 0,028$ . Las heredabilidades maternas para PN y PD fueron  $0,02 \pm 0,026$  y  $0,07 \pm 0,046$ , respectivamente. La correlación entre efectos genéticos directos y maternos para PN fue positiva  $0,23 \pm 0,499$ , mientras que para PD fue negativa  $-0,53 \pm 0,299$ . Las tendencias genéticas directas y maternas fueron  $0,0009 \pm 0,0005$  y  $0,0007 \pm 0,0002$  Kg/año para PN y  $-0,0011 \pm 0,009$  y  $0,0034 \pm 0,01$  Kg/año para PD. **Conclusión:** de acuerdo a los estimados de heredabilidad, en la población hay poca variabilidad genética para las características evaluadas. Los valores de las tendencias genéticas de los efectos genéticos directos y maternos para PN y PD fueron cercanas a cero, lo que sugiere que hay poco o nulo progreso genético en la población. Lo anterior indica que se deben mejorar las condiciones de alimentación y manejo.

**Palabras clave:** heredabilidad, peso al nacer, peso al destete, progreso genético, selección.

**Keywords:** birth weight, genetic progress, heritability, selection, weaning weight.

**Prospecção de assinaturas de seleção em regiões de QTL em novilhas Nelore selecionadas para precocidade sexual**

**Prospection of selection signatures in QTL regions in Nelore heifers selected for sexual precocity**

Donicer E Montes Vergara<sup>1</sup>, Zoot, MSc; Guilherme Luís Pereira, Zoot, MSc; Camila T Meira<sup>2</sup>, Zoot, MSc, Dr; Oscar D Vergara Garay<sup>4</sup>, Zoot, Dr; Rogério A Curi<sup>3</sup>, Zoot, MSc, Dr; Henrique Nunes de Oliveira<sup>5</sup>, MV, MSc, Dr.

<sup>1</sup>Universidade de Sucre, Sincelejo (Sucre), Colombia / Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal, FCAV-UNESP, Jaboticabal (SP), Brasil. <sup>2</sup>Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, FMVZ-UNESP, Botucatu (SP), Brasil / Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento Animal, FCAV-UNESP, Jaboticabal (SP), Brasil. <sup>3</sup>Departamento de Melhoramento e Nutrição Animal, FMVZ-UNESP, Botucatu (SP), Brasil.

<sup>4</sup>Universidade de Córdoba, Colombia. <sup>5</sup>Departamento de Zootecnia, FCAV-UNESP, Jaboticabal, Brasil.

E-mail: donicer.montes@unisucre.edu.co

**Introdução:** características reprodutivas, como a ocorrência de prenhez precoce, são de 4 a 13 vezes mais importantes economicamente que as de crescimento. Desta forma, o aumento da taxa de fertilidade e emprego de animais geneticamente superiores é determinante para o progresso da produção de carne. A seleção artificial modifica as frequências alélicas de uma população ao transmitir as variantes gênicas mais interessantes. Considerando o desequilíbrio de ligação, alguns loci adjacentes às mutações favoráveis são transmitidos ao longo das gerações. Esses haplótipos, transmitidos com os alelos selecionados, são conhecidos como assinaturas de seleção, e podem ser identificados com o uso de chips de marcadores SNP e metodologias estatísticas adequadas. **Objetivo:** identificar assinaturas de seleção em QTL previamente mapeados para características ligadas à precocidade sexual. **Métodos:** foram genotipadas 2.035 fêmeas da raça Nelore (*Bos indicus*) com o chip Illumina BovineHD BeadChip, o qual possui mais de 777 mil SNPs. Posteriormente foi inferida a fase de ligação dos SNPs e a reconstrução dos haplótipos. A detecção de assinaturas de seleção foi realizada por meio da aplicação da metodologia relative extended haplotype homozygosity (REHH). **Resultados:** foram formadas 2.756 regiões núcleo, com tamanho médio  $27,6 \pm 29,1$  kb, abrangendo 70,1 Mpb dos 25 BTA estudados. O desvio-padrão evidenciou a alta variação no tamanho das regiões núcleo, que apresentaram o mínimo de 40,4 kb no BTA27 e o máximo de 1.324,3 kb no BTA14. Dos SNPs utilizados, 17.312 participaram da formação das regiões núcleo, com o mínimo de 10 no BTA27 e o máximo de 20 SNPs nos cromossomos 1, 3 - 7, 9 - 15, 18 - 21, e 23 - 24. Foram detectadas assinaturas de seleção com diferentes significâncias: 739 ( $p < 0,05$ ), 38 ( $p < 0,01$ ) e 2 ( $p < 0,001$ ). **Conclusão:** as assinaturas de seleção identificadas no presente trabalho poderão ser utilizadas para a anotação de genes importantes para a precocidade sexual de fêmeas na raça Nelore.

**Palavras chave:** assinaturas de seleção, genotipagem, REHH, reprodução, SNPs.

**Keywords:** genotyping, REHH, reproduction, selection signature, SNPs.

### Regresión Ridge ponderada en el peso al destete en poblaciones multirraciales\*

#### *Weighted Ridge Regression for weaning weight in multi-breed population*

Johanna Ramírez Díaz<sup>1</sup>, Zoot, PhD; Joanir Pereira Eler<sup>1</sup>, Zoot, PhD; José B Stearman Ferraz<sup>1</sup>, Zoot, PhD; Laiza H de Souza Lung<sup>1</sup>, Zoot, MSc; Gerson Barreto Mourao<sup>1</sup>, Zoot, PhD.

\*Financiado por: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nivel Superior - CAPES. <sup>1</sup>Universidade de Sao Paulo, Brasil.  
E-mail: jhanaun@gmail.com

**Introducción:** en los modelos de evaluación genética multirracial la presencia de colinealidad (CL) debido al número de parámetros incluidos en el modelo son comunes. CL ocasiona variancia elevada y afecta la precisión y significancia de los estimadores. La Regresión Ridge es una de las metodologías más eficientes en la reducción de CL. **Objetivo:** determinar el efecto de la Regresión Ridge ponderada (RRP) en la reducción de CL y en la significancia de los efectos incluidos en el modelo de evaluación. **Métodos:** fue empleada información del peso al destete (Kg) de 143.141 individuos de la raza Montana Tropical pertenecientes a la base de datos del Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia, de la Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidad de Sao Paulo. El modelo consideró como efecto fijo: el grupo contemporáneo (finca, año, estación, sexo y grupo de manejo); como covariables: los efectos genéticos directos individual y materno de raza, los efectos genéticos no aditivos de epistaxis directa, heterocigosis individual y materna, la edad al destete y la clase de edad de la vaca al parto. Como efectos aleatorios fueron considerados los efectos genéticos aditivos directos, maternos y de ambiente permanente. La conectividad entre los GC fue garantizada. Para el diagnóstico de CL fue empleado el factor de Inflación de la Variancia (VIF) y el número de condición (NC) a través del procedimiento PROC REG de SAS. **Resultados:** las variables asociadas con los efectos genéticos aditivos de raza tuvieron relación con CL. Se observó que la RRP causó una reducción en los valores VIF y en la varianza del error de predicción y permitió la detección de efectos significativos incluidos en el modelo. **Conclusión:** el uso de la RRP fue eficiente en la reducción de la dependencia lineal entre los regresores y permitió la obtención de parámetros más estables.

**Palabras clave:** bovinos de carne, colineariedad, crecimiento, efectos genéticos no aditivos.

**Keywords:** beef cattle, collinearity, growth, non-additive genetic effects.

### Relación del crecimiento de ovejas de pelo cruzadas con algunas medidas zoométricas

#### *Relation of growth crossed hair sheep with some zoometric measures*

Ciro A Ordoñez Gomez, Zoot.

Universidad Francisco de Paula Santander, Ocaña, Colombia.  
E-mail: caordonezg@ufps.edu.co

**Introducción:** las variables zoométricas se han mostrado como una herramienta útil para seleccionar animales con características productivas deseadas. **Objetivo:** analizar la relación del crecimiento de ovejas de pelo cruzadas con algunas medidas zoométricas. **Métodos:** se analizaron los registros de pesajes de 18 hembras cruzadas con peso vivo promedio de  $14,7 \pm 3,14$  Kg, se estableció el peso y se tomaron las medidas de perímetro torácico (PT), perímetro de la caña (PC), longitud corporal (LCO), longitud del cuello (LCU), amplitud de cadera (AC), amplitud de isquiones (AI), altura a la cruz (ACR) y altura a la grupa (AGR), todas las medidas zoométricas se tomaron en cm. A Los 60 días del pesaje inicial y la toma de las medidas zoométricas los animales se pesaron nuevamente y se estimó la ganancia diaria promedio (GDP). Los datos se sometieron a análisis de correlación y regresión múltiple. El ajuste del modelo se evaluó de acuerdo al criterio de información de Akaike (AIC). El análisis de los datos se realizó utilizando el paquete REG del programa SAS (Ver. 9.2, SAS Institute, Cary, NC). **Resultados:** los coeficientes de correlación de la GDP con las medidas zoométricas fueron 0,48, -0,24, 0,44, 0,17, 0,17, 0,19, 0,27, 0,21 para PT, PC, LCO, LCU, AC, AI, ACR y AGR, respectivamente. De acuerdo al AIC el modelo con mejor ajuste para describir el crecimiento fue,  $GDP (g/d) = -276,5 + 4,7 \times PT - 15,1 \times PC + 5,8 \times LCO + 9,2 \times AC - 23,5 \times AI + 7,4 \times ACR - 6 \times AGR$  ( $R^2 = 0,69$ ;  $AIC = 117,9$ ;  $p < 0,05$ ). **Conclusión:** el crecimiento de las ovejas cruzadas se relaciona con las medidas zoométricas, de forma positiva con PT, LCO, AC y ACR y de forma negativa con PC, AI y AGR.

**Palabras clave:** AIC, longitud corporal, perímetro torácico, regresión.

**Keywords:** AIC, body length, regression, thoracic perimeter.

## Una nueva fórmula para el cálculo manual de la intensidad de selección\*

### *A novel formula to calculate selection intensity*

Juan D Corrales Álvarez<sup>1,2</sup>, Zoot, MSc; Mario F Cerón Muñoz<sup>1</sup>, Zoot, MSc, PhD.

\*Financiado por: Universidad de Antioquia. Apoyo estrategia de Sostenibilidad CODI-UdeA. 2014 E01808 del Grupo GaMMA. <sup>1</sup>Grupo de Investigación en Genética, Mejoramiento y Modelación Animal –GaMMA, Universidad de Antioquia. <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de La Salle, Bogotá, Colombia.  
E-mail: jdcorrales@unisalle.edu.co

**Introducción:** la intensidad de selección (i) influye en el progreso genético de una población y es calculada a partir de la proporción de individuos seleccionados (p). El cálculo de la i requiere de la distribución normal truncada donde p corresponde al punto de truncamiento, lo cual dificulta su cálculo manual. **Objetivo:** introducir una nueva fórmula para determinar el valor de la intensidad de selección de forma directa sin necesidad del uso de tablas o programas computacionales. **Métodos:** se evaluaron diferentes fórmulas encontradas utilizando el programa Eureka 1.12.1 Beta, teniendo en cuenta que la mejor ecuación fuera parsimoniosa, presentara un coeficiente de correlación de concordancia (CCC) superior a 0,99 y una desviación pequeña con respecto al valor verdadero. **Resultados:** la mejor fórmula encontrada para el cálculo de la intensidad de selección corresponde a:  $i = 1,481 * \text{raíz}(0,155 - \ln(p)) - 0,567$  con una máxima desviación con respecto al valor verdadero de 0,008 y un CCC=0,99998. Por ejemplo; la intensidad de selección si se selecciona el 10% de los padres ( $p = 0,1$ ) corresponde a  $i = 1,481 * \text{raíz}(0,155 - \ln(0,1)) - 0,567 = 1,755$  vs el valor verdadero de tabla  $i = 1,755$ . **Conclusión:** la fórmula encontrada presenta un excelente ajuste para calcular la i sin el uso de tablas o programas computacionales y es bastante superior a otras fórmulas reportadas en la literatura. Adicionalmente, es una excelente alternativa para utilizar en los cursos de genética y mejoramiento animal. La fórmula encontrada para calcular la intensidad de selección es altamente confiable y puede ser utilizada en reemplazo de tablas o programas computacionales.

**Palabras clave:** diferencial de selección, programa de mejoramiento genético, progreso genético.

**Keywords:** breeding program, genetic gain, selection differential.

## Variabilidad genética en la variación residual de edad al primer parto en bovinos Holstein de Colombia

### *Genetic variability in residual variation of age at first calving in Holstein from Colombia*

Juan D Corrales Alvarez<sup>1</sup>, Zoot, MSc, cPhD; Mario F Cerón Muñoz<sup>2</sup>, Zoot, MSc, PhD.

\*Financiado por: Estrategia de Sostenibilidad CODI-UdeA. 2014 E01808. <sup>1</sup>Universidad de La Salle, Bogotá. <sup>2</sup>Grupo GaMMA, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Colombia.  
E-mail: jdcorrales@unisalle.edu.co

**Introducción:** la selección por canalización es definida como la habilidad para producir un fenotipo consistente (uniforme) en respuesta a los factores ambientales no-específicos que actúan en contra, y es medida como la variación residual de una característica expresada por los genotipos de los hijos dentro de un ambiente. Previos trabajos basados en canalización para diferentes características en animales sugieren que si bien la fracción genética aditiva de la varianza ambiental es generalmente baja, esta puede permitir una respuesta genética a la selección. **Objetivo:** estimar los parámetros genéticos y ambientales asociados con la variabilidad ambiental, para características de fertilidad como la edad al primer parto y el intervalo entre partos, en bovinos lecheros. **Métodos:** los datos incluyeron registros de 24.750 vacas Holstein con 34.594 individuos en la base genealógica y registros de edad al primer parto en meses; se corrieron dos modelos animales con los efectos fijos de grupo contemporáneo (hato - año) y mes de parto, el primero para obtener los parámetros genéticos y los correspondientes residuales; y el segundo a partir de la transformación  $\ln(e^2)$  se obtuvieron los parámetros genéticos y la heredabilidad de la variación residual. **Resultados:** la heredabilidad para edad al primer parto fue de 0,20 con una varianza fenotípica de 12,63 y una varianza aditiva de 2,52. La heredabilidad estimada para la variación residual fue baja de 0,07 con una variación fenotípica y aditiva de 5,21 y 0,33, respectivamente. **Conclusión:** si bien la heredabilidad de la variación residual es baja, indica la posibilidad de seleccionar por uniformidad el carácter edad al primer parto por medio de selección. La heredabilidad para edad al primer parto, combinada con la posibilidad de seleccionar por uniformidad, indica una excelente opción a la hora de seleccionar individuos.

**Palabras clave:** heredabilidad, homogeneidad, selección.

**Keywords:** heritability, homogeneity, selection.