

Genética y Mejoramiento

Evaluación de la longitud de pelo en la raza criolla bovina Costeño con Cuernos

Evaluation of hair length in Costeño con Cuernos creole cattle breed

Alcides G Montiel Vargas; Cristian C Hernández Martínez; Enoc Paternina Díaz; David E Quintero Bastidas; Jhon J Cañas Álvarez.

Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - AGROSAVIA.

E-mail: amontiel@agrosavia.co

Antecedentes: uno de los indicadores empleados en la adaptación de los bovinos es la longitud del pelo de los animales como una respuesta a las condiciones climática. Los bovinos criollos cuentan con un proceso de selección natural de varios siglos que les confirió adaptación al entorno donde se desarrollan, donde una de las principales características es la presencia de un pelaje corto. **Objetivo:** evaluar la longitud de pelo en la raza criolla Costeño con Cuernos y el efecto de algunos factores como la edad, sexo y época de muestreo. **Métodos:** se realizó la medición de la longitud de pelo en un total de 256 animales pertenecientes a tres grupos raciales: animales puros Costeño con Cuernos (CCC), animales F1 Jersey x Costeño con Cuernos (JERxCCC) y animales F1 Holstein x Costeño con Cuernos (HOLxCCC). Las muestras de pelo fueron tomadas de la tabla del cuello en una sección de dos cm² para obtener una longitud media de al menos 10 pelos. Las muestras fueron digitalizadas por escáner para la medición. Se realizó un análisis de varianza donde se incluyeron como efectos fijos la raza (CCC, JER x CCC y HOL x CCC), la época (lluvia y seca), sexo (machos y hembras) y como covariable la edad del animal. La comparación de medias se realizó con el procedimiento LSMEANS del software R Project, mediante la prueba de Tukey-Kramer a un nivel de confianza de 95 %. **Resultados:** la longitud del pelo varió entre 1,43 y 10,11 mm. Se encontraron diferencias altamente significativas ($p < 0,001$) entre razas y diferencias significativas entre las épocas ($p < 0,05$), para las variables sexo y edad no se encontraron diferencias significativas ($p > 0,05$). En la raza CCC el valor promedio de la longitud del pelo fue de $2,87 \pm 0,86$ mm, por su parte en los cruces JERxCCC y HOLxCCC los valores promedio fueron de $6,01 \pm 2,95$ mm y $5,05 \pm 0,95$ mm, respectivamente. La época lluviosa presentó un promedio de longitud de pelo de $2,74 \pm 0,54$ mm y la época seca de $2,99 \pm 0,49$ mm. **Conclusiones:** dentro de las poblaciones de CCC se encontró una alta variabilidad de la longitud de pelo. El promedio de la longitud de pelo encontrado en la raza CCC está considerado dentro de la categoría de corto (< 3 mm).

Palabras clave: adaptación, clima, pelaje corto, productividad.

Keywords: environmental adaptation, productivity, short fur, weather.

Evaluación genética en una población de conejos blancos Nueva Zelanda en zona de bosque seco

Genetic evaluation in a population of New Zealand white rabbits in a dry forest zone

Donicer E Montes Vergara; Alexander Pérez Cordero; Yelitza Aguas Mendoza.

Universidad de Sucre; Facultad de Ciencias Agropecuarias; Colombia.

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

Antecedentes: en Colombia, son escasas las investigaciones que referencian evaluación genética en población de conejos domésticos (*Oryctolagus cuniculus*), por lo que, la obtención de VGP's, es una herramienta que brinda la oportunidad de identificar los mejores animales y de este modo, poder ser utilizados como padres para las futuras generaciones. **Objetivo:** calcular la heredabilidad (h^2) y los valores genéticos predichos (VGP's) para peso vivo al sacrificio (PS) y ganancia de peso diaria (GDP) en una población de conejos (*Oryctolagus cuniculus*) blancos nueva Zelanda (BNZ) y utilizar la información como criterio de selección. **Métodos:** fueron analizados 610 datos registrados para PS y GDP, proveniente de 150 hembras y 15 machos de la raza de conejo BNZ. El análisis de la varianza para los efectos fijos relacionados con las variables PS y GDP, fue ejecutada con PROC GLM, del programa estadístico SAS v.9.4v. Los componentes de la varianza para la estimación de la h^2 y los VGP's para PS y GDP, fueron obtenidos por el método de máxima verosimilitud restringida, empleando el programa VCEv. 6.0, el mérito genético de cada animal fue obtenido, y corrieron los registros en el programa MTDFRELM. En el modelo estadístico fue considerado el padre como efecto aleatorio y los grupos contemporáneos sexo, año de nacimiento y año de destete como efectos fijos. **Resultados:** el promedio encontrado para PS y GDP fue de $1793,64 \pm 172,52$ g y $19,80 \pm 4,0$ g día⁻¹, respectivamente. El análisis de varianza para el PS y GDP mostró diferencias altamente significativas ($p \leq 0,01$), para las fuentes de variación analizadas en el modelo. La h^2 del PS y la GDP, fue de $0,35 \pm 0,09$ y $0,21 \pm 0,13$ respectivamente. Los desvíos de los VGP's para PS, variaron entre $-392,32$ g día⁻¹ a $200,12$ g día⁻¹, encontrándose mayor proporción de VGP's negativos (54,28 %). Los desvíos de los VGP's para GDP, registró un rango de $-7,10$ g día⁻¹ a $11,92$ g día⁻¹, correspondiendo el 63,68 % a VGP's negativos. **Conclusiones:** la selección centrada en la GDP en la población de conejos BNZ estudiada, es aconsejable para lograr favorabilidad en el progreso genético de la característica PS.

Palabras clave: conejos, mérito genético, progreso genético, selección, valores genéticos predichos.

Keywords: genetic merit, genetic progress, predicted genetic values, rabbits, selection.

Frecuencia del alelo A2 de β -caseína y su asociación con producción de leche en ganado Lucerna

Frequency of the A2 allele of β -casein and its association with milk yield in Lucerna cattle

Juan C Rincón Flórez¹; Darwin Y Hernández-Herrera¹; Alejandra Álvarez-Múnera²; Luis G González Herrera³.

¹Grupo de Investigación Recursos Zoogenéticos Palmira; Facultad de Ciencias Agropecuarias; Universidad Nacional de Colombia - UNAL; Sede Palmira. ²Estudiante de Zootecnia; Universidad Nacional de Colombia - UNAL; sede Medellín.

³Grupo de investigación BIOGEM; Facultad de Ciencias Agrarias; Universidad Nacional de Colombia - UNAL; Sede Medellín.

E-mail: jerincon@unal.edu.co

Antecedentes: Lucerna es una raza sintética colombiana, considerada un recurso criollo de gran importancia para la producción de leche en el Valle del Cauca. Recientemente, tras la divulgación de las leches A2 como productos de mayor digestibilidad, surgió la necesidad de genotipar la β -caseína del ganado Lucerna y su asociación con características productivas. **Objetivo:** determinar la frecuencia alélica y genotípica de β -caseína A2 y su asociación con algunas características productivas en ganado Lucerna. **Métodos:** se consideraron 94 animales de la Reserva Natural el Hatico y la hacienda Lucerna para la extracción de ADN de sangre y semen (74 hembras y 20 machos). El genotipado se realizó con el chip GGP Bovine100K, que presenta información para diferentes variantes genéticas al interior del gen de β -caseína. A partir de la información, se leyó el genotipo de los individuos y se estimaron las frecuencias alélicas y genotípicas. Posteriormente, se describió el comportamiento medio fenotípico y de los valores genéticos para la producción de leche total y ajustada. Finalmente, se evaluó la asociación con los valores genéticos desregresados para producción de leche total y ajustada a 305 días mediante un modelo GLM empleando el software R. **Resultados:** la producción de leche a 305 días del ganado lucerna presentó una media de $2845 \pm 734,5$ litros (13.920 registros de lactancias históricas). La media de los valores genéticos desregresados para producción de leche y producción de leche ajustada a 305 días fue de $230,8 \pm 23,6$ y $0,01 \pm 0,06$, respectivamente. La frecuencia del Alelo A2 en la población fue de 66 % y el genotipo más frecuente fue el A2A2 (45 %). Finalmente, no se encontró una diferencia estadísticamente significativa entre el genotipo y la producción de leche total o ajustada a 305 días ($p > 0,05$) **Conclusiones:** la población Lucerna presenta mayor frecuencia del alelo A2, lo que muestra el gran potencial para la valoración y venta diferencial de la leche, además la frecuencia no se encuentra relacionada con los niveles de producción de leche. Sin embargo, se debe seguir evaluando su efecto sobre otras características productivas y reproductivas.

Palabras clave: *bovinos criollos, producción láctea, recursos genéticos.*

Keywords: *creole bovines, dairy yield, genetic resources.*
Rev Colomb Cienc Pecu 2024; 37(Supl)

Estimación de heredabilidad para longevidad en la raza Holstein

Estimation of heritability for longevity in the Holstein breed

Juan M Bonilla Hernández; Manuela Liebano Arango; Luis G González Herrera.

Universidad Nacional de Colombia - UNAL.

E-mail: jubonillah@unal.edu.co

Antecedentes: la selección para longevidad tiene un impacto tanto en lo económico como en la sostenibilidad de los sistemas de producción lecheros. Para ello es necesario conocer los parámetros genéticos como la heredabilidad. **Objetivo:** estimar heredabilidad para longevidad en vacas Holstein. **Método:** se evaluó información fenotípica de 210 vacas del hato Paysandú ubicado en Santa Elena-Colombia. N 428 animales hicieron parte de la genealogía. Se estimaron componentes de varianza para la longevidad mediante un modelo lineal generalizado con THRGIBBSF90 por inferencia bayesiana; la longevidad se definió en base al número de partos (< 5 no longeva). Los efectos fijos para considerar fueron: año de nacimiento (AN); edad de la vaca al segundo parto (EV2M), producción de leche promedio entre el primer y segundo parto (PL1_2) y los días de lactancia promedio entre el primer y segundo parto (DEL1_2) como covariables. Se corrieron 4 modelos (M1 a M5). El M1 incluyó todos los efectos. Los M2 a M5 incluyeron un solo efecto (DEL1_2, PL1_2, EV2M y AN, respectivamente). Para establecer cuáles efectos debían incluirse en la evaluación genética se compararon heredabilidades (h^2), desviaciones estándar (SD) y un análisis de convergencia con los estadísticos Geweke (GK) y Heidelberger (HW) y Welch (WE) con el paquete BOA en el software R. Los parámetros de muestreo fueron: muestras corridas 500000, burn in 50000 y almacenamiento a cada 50 muestras. **Resultados:** se encontraron h^2 de $0,41 \pm 0,24$, $0,62 \pm 0,24$, $0,50 \pm 0,22$, $0,49 \pm 0,23$ y $0,46 \pm 0,24$ para M1 a M5, respectivamente. Los resultados de convergencia para los parámetros genéticos solo presentaron convergencia para todos los estadísticos de comparación para M2. Para los otros modelos hubo convergencia para GK, pero no para HW. **Conclusión:** las estimativas de h^2 fueron altas y con SD de magnitud moderada, sugiriendo posible progreso genético para esta característica mediante selección por medio de valores genéticos en la población. El M1 sería el modelo utilizado en la evaluación genética. Sin embargo, se recomienda realizar nuevos análisis incluyendo mayor número de registros fenotípicos para verificar estos resultados.

Palabras clave: *heredabilidad, inferencia bayesiana, vida productiva.*

Keywords: *bayesian inference, heritability, productive life.*

Características morfométricas y análisis discriminante del dimorfismo sexual en patos Muscovy de Córdoba, Colombia

Morphometric characteristics and discriminant analysis of sexual dimorphism in Muscovy ducks from Córdoba, Colombia

Jesús A Barros González¹; Leonel D Doria Cantero²; Rosa V Castro Colón¹; Moris De J Bustamante Yáñez¹; Óscar D Vergara Garay¹.

¹Grupo de Investigación en Producción Animal Tropical; Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia; Universidad de Córdoba; Montería; Colombia. ²Programa de Ingeniería de Sistemas; Universidad de Córdoba; Montería; Colombia.

E-mail: jbarrosgonzalez22@correo.unicordoba.edu.co

Antecedentes: el pato Muscovy (*Cairina moschata domestica*) es un recurso genético de importancia para contribuir en la seguridad alimentaria de Córdoba, Colombia, sin embargo, existen pocos trabajos que evalúan su dimorfismo sexual en la región, lo cual es relevante en la caracterización y aprovechamiento sostenible de la especie. **Objetivo:** evaluar características morfológicas cuantitativas con el mayor potencial de discriminar el sexo en patos *Cairina moschata domestica* de Córdoba. **Métodos:** en 179 patos Muscovy de San Pelayo, Canalete y Montería se midieron 19 variables morfológicas cuantitativas: peso corporal (PC) registrado en kg; y registradas en cm la longitud de la cabeza (LCZ), pico (LPC), cuello (LCU), corporal (LCO), grupa (LGR), total de la pierna (LTP), ala (LA), metatarso (LM), pie (LPE); ancho de la cabeza (AC), pico (AP), grupa (AGR); perímetro torácico (PTO); circunferencia del muslo (CM); diámetro del metatarso (DM), longitudinal (DL); altura a la cruz (ALC) y a la grupa (ALG). Para la evaluación del dimorfismo se realizó la prueba t de Student y un análisis discriminante lineal (ADL). Los datos se analizaron con los softwares InfoStat® versión 2020 e IBM® SPSS Statistics. **Resultados:** se halló que los machos tuvieron mayores valores que las hembras en todas las medidas morfológicas ($p \leq 0.05$) y se encontró la función: $D = -29,628 - 0,810(PC) + 0,306(LCU) + 0,123(LCO) + 0,136(LA) + 2,507(AC) + 0,230(DL)$, que permitió discriminar por sexo y de forma correcta el 97,2 % del total de los patos del estudio. Los promedios de las variables que componen la función fueron: PC: $1,87 \pm 0,37$ y $3,04 \pm 0,66$; LCU: $17,80 \pm 1,32$ y $22,83 \pm 1,44$; LCO: $52,22 \pm 2,8$ y $64,69 \pm 2,6$; LA: $28,2 \pm 1,89$ y $34,42 \pm 1,41$; AC: $3,49 \pm 0,16$ y $4,05 \pm 0,18$; DL: $18,65 \pm 1,26$ y $22,87 \pm 1,3$ en hembras y machos, respectivamente. **Conclusiones:** el ADL logró la reducción del número de variables permitiendo maximizar la diferenciación entre grupos, lo cual ahorra tiempo y energía necesarios para distinguir los sexos, además, la diferencia de tallas entre machos y hembras Muscovy permite comprender condiciones adaptativas y productivas de utilidad en su conservación y gestión sostenible.

Palabras clave: *Cairina moschata domestica*, morfometría, talla.

Keywords: *Cairina moschata domestica*, morphometry, size.

Uso de análisis de componentes principales en la selección de animales de la raza Brahman

Use of principal components analysis in the selection of Brahman breed animals

Luis M Cohen Teheran; Diana M Bolívar Vergara; Luis G González Herrera.

Universidad Nacional de Colombia - UNAL.

E-mail: lcohent@unal.edu.co

Antecedentes: la raza Brahman en Colombia ha sido mejorada principalmente con base en el fenotipo. Es necesario establecer mejoras en los criterios utilizados para seleccionar animales con mérito genético superior con base en valores genéticos, siendo una herramienta el análisis de componentes principales (ACP). **Objetivo:** explorar el uso de un análisis de componentes principales en la selección de animales de la raza Brahman. **Métodos:** se evaluó información genética de 6605 animales Brahman de una finca en Montería-Colombia, correspondiente a nacimientos entre 1983 y 2023, y con fenotipos registrados entre 1998 y 2022. Se utilizó un modelo animal por medio del software WOMBAT para características de crecimiento; predestete: peso al nacimiento (PN), peso a los 4 meses (P4M) y peso al destete (PD), y post destete: peso al año (P365) y a los 18 meses (P18M). Características predestete consideraron el efecto genético directo y materno. Con los valores genéticos para cada característica evaluada, se aplicó un ACP usando R Project para identificar gráficamente diferencias genéticas entre individuos de acuerdo a la ubicación de los mismos en un gráfico biplot, con diferente sexo (SC), método de monta (MM), padre (P) y una categorización (CAT) basada en un índice de selección (categorías: élite, superiores, comerciales e inferiores), estimado mediante sumatoria de la multiplicación del valor genético de cada característica por su confiabilidad. **Resultados:** dos dimensiones del ACP explicaron 66 % de la variabilidad genética poblacional (CP1 42,5 % y CP2 23,5 %). Las variables con mayor peso en el CP1 fueron los valores genéticos directos; en el CP2 los valores genéticos maternos. La dispersión del gráfico de CP demuestra que sólo hay diferencias en los efectos de P y CAT, ubicando los animales en diferentes cuadrantes, en uno los animales genéticamente superiores. No hay diferencias entre MM, indicando que no necesariamente animales nacidos por transferencia de embriones son genéticamente superiores. **Conclusiones:** la utilización de un análisis de CP es una herramienta importante en la selección de animales con mérito genético superior en la población Brahman analizada.

Palabras clave: bovinos de carne, crecimiento, valores genéticos.

Keywords: beef cattle, breeding values, growth.

Estimación de parámetros genéticos para el tamaño de la camada y sobrevivencia al destete en cerdos criollo colombiano San Pedroño del banco de germoplasma

Estimation of genetic parameters for litter size and survival at weaning in San Pedroño Colombian Creole pigs from the germplasm bank

Ricardo J Ocampo Gallego; Sebastián Pineda Sierra;
Edison J Ramírez Toro.

Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria -
AGROSAVIA.

E-mail: ricardo.ocampo23@gmail.com

Antecedentes: la raza de cerdo criollo San Pedroño se caracteriza por su adaptación al trópico, capacidad de adaptarse a diferentes tipos de alimentos; además, constituye una fuente de alimento e ingresos para muchos productores de pequeñas explotaciones campesinas. Los parámetros genéticos de la raza se deben monitorear para su conservación y para posibles procesos futuros de selección, siendo esenciales en los programas de mejoramiento, ya que conducen a una producción porcina eficiente. **Objetivo:** estimar los componentes de la varianza y parámetros genéticos para las características tamaño de la camada y sobrevivencia al destete en la población de cerdos San Pedroño del banco de germoplasma de la nación colombiana. **Métodos:** se utilizó la información productiva y reproductiva de los cerdos San Pedroño del banco de germoplasma de la nación colombiana. Los animales se encontraron en el Centro de investigación El Nus, propiedad de AGROSAVIA. La base de datos incluyó un total de 2483 registros de pedigrí, generados entre los años 2007-2020. Los componentes de varianza fueron estimados mediante la metodología de máxima verosimilitud, utilizando el programa AIREMLF90. Se empleó un modelo de dos características, se incluyeron el número de parto, la familia, el año y mes de parto como efectos fijos y los efectos aleatorios genético aditivo directo del animal, el efecto de ambiente permanente y el residuo. **Resultados:** el número de animales endogámicos fue de 1869 animales, con una media de endogamia de 0,083. El tamaño promedio de camada fue de $7,99 \pm 2,31$, con una sobrevivencia promedio al destete de $0,88 \pm 0,15$. la heredabilidad para el tamaño de camada y la sobrevivencia al destete fue de $0,15 \pm 0,5^{-02}$ y $0,11 \pm 0,4^{-02}$, respectivamente. La correlación genética y fenotípica entre las dos características fue de 0,96 y 0,50, respectivamente. **Conclusiones:** las heredabilidades estimadas para las características evaluadas fueron bajas, con una correlación genética alta. Estos resultados indican que los caracteres pueden ser mejorados a partir de la implementación de programas de manejo y en una baja proporción a partir de procesos de selección.

Palabras clave: adaptación, conservación, desempeño, heredabilidad, productividad.

Keywords: adaptation, conservation, heritability, performance, productivity.

Estructura genética poblacional de la sabaleta (*Brycon henni*) en los embalses Porce II, Porce III y río Guadalupe

Population genetic structure of sabaletas (Brycon henni) in the PorceII and Porce III river dams and the Guadalupe river

John M Flórez Otálvaro; Juliana Herrera; Omer Campo;
Iván D Soto.

Universidad de Antioquia - UdeA.

E-mail: johnm.florez@udea.edu.co

Antecedentes: la sabaleta es una especie de gran valor económico y cultural distribuida en la cuenca del río Magdalena. Su nicho se ha visto intervenido por barreras físicas que pueden alterar el comportamiento y la distribución de esta y otras especies de peces, promoviendo el aislamiento genético y reproductivo entre grupos demográficos. **Objetivo:** describir las relaciones genéticas y niveles de diferenciación entre cinco grupos demográficos (G1-G5) de *Brycon henni* delimitados por barreras físicas naturales (Salto de Guadalupe) y artificiales (tres centrales hidroeléctricas) en el nordeste de Antioquia. **Métodos:** se tomaron muestras para 176 individuos en 16 localidades, para cada individuo se genotipificaron 4 loci y se realizaron estimativos de diversidad y estructura genética en cada grupo demográfico. **Resultados preliminares:** los grupos con mayor y menor número promedio de alelos por locus fueron G1 y G2 respectivamente. No se detectó desequilibrio de ligamiento en ningún caso. La heterocigosidad observada (H_o) varió entre 80 % y 100 %, mientras que la esperada (H_e) lo hizo entre 60 % y 80 %. El coeficiente de endogamia F_{is} promedio tuvo valores entre -0,19 y -0,35; el menor F_{st} entre pares de grupos fue entre G3 y G4 separados por el muro de Porce III, mientras que G1 (Antes del Salto de Guadalupe) presentó los valores más altos de diferenciación con todos los demás grupos. **Conclusiones:** el grupo G1, aislado por una barrera natural como lo es el Salto de Guadalupe, presentó los mayores valores de diferenciación genética, resaltando la importancia de dicha barrera. Los altos niveles de H_o ($H_o > H_e$) y valores negativos de F_{is} hablan de un exceso de heterocigotos y posible flujo génico con otros grupos poblacionales. Asimismo, las bajas distancias F_{st} entre grupos separados por los muros de Porce II y III evidencian una alta conectividad y por tanto no se registra un efecto evidente de estas barreras sobre la conectividad. Esta investigación fue financiada por el convenio CT-2021-000023-A3 entre la Universidad de Antioquia y Empresas Públicas de Medellín.

Palabras clave: biodiversidad, peces, represas fluviales.

Keywords: biodiversity, fishes, river dams.

Parámetros genéticos y factores asociados a la positividad de mastitis en la raza Lucerna

Genetic parameters and factors associated with mastitis positivity in Lucerna breed

Alejandra Álvarez Múnera¹; Juan C Rincón Flóres²; Luis G González Herrera³.

¹Estudiante de Zootecnia; Universidad Nacional de Colombia - UNAL; sede Medellín. ²Grupo de Investigación Recursos Zootécnicos Palmira; Facultad de Ciencias Agropecuarias; Universidad Nacional de Colombia - UNAL; Sede Palmira.

³Grupo de investigación en Biodiversidad y Genética Molecular (BIOGEM); Facultad de Ciencias Agrarias; Universidad Nacional de Colombia - UNAL; Sede Medellín.

E-mail: luggonzalezhe@unal.edu.co

Antecedentes: la raza colombiana Lucerna presenta buen rendimiento para producción de leche en regiones por debajo de los 1.800 m.s.n.m. Programas de selección encaminados a mejorar la salud de las vacas, especialmente aquellas con mayor nivel de producción, pueden reducir los costos del sistema al disminuir el uso de antibióticos.

Objetivo: estimar parámetros genéticos e identificar factores asociados con la positividad a mastitis (PM) en vacas de la raza Lucerna. **Métodos:** se evaluó información fenotípica de 3248 partos de 982 vacas Lucerna de la hacienda Reserva Natural El Hatico ubicada en El Valle del Cauca-Colombia, nacidas entre 1988 y 2017 y con partos registrados entre 2000 y 2021. 5175 animales hicieron parte de la genealogía. El fenotipo PM se creó asignando un valor de “1” a vacas que no presentaron cuadro de mastitis (sanas), y “2” para las que experimentaron mastitis durante el periodo. Se utilizó un modelo lineal generalizado por medio de un análisis de regresión logística para identificar si los factores de año de parto (AP, 2000 a 2021) y número de parto (NP, variando de 1 a 8) influían en la variabilidad de la característica utilizando el software R Project. Posteriormente, se utilizó un modelo animal con repetibilidad con el uso de los softwares de la familia BLUPF90 para estimar parámetros genéticos (PG) para PM. **Resultados:** la PM global fue de 25,06 %. Según el año de parto, la PM varió entre 2,00 % (2000) y 41,23 % (2010), sin una tendencia clara a lo largo del periodo estudiado. La PM por NP varió entre 9,00 % (NP1) y 44,02 % (NP7). El análisis de regresión logística (Tabla 1) indicó influencia del NP y la AP sobre PM. La heredabilidad encontrada fue de $0,16 \pm 0,07$ y la repetibilidad de $0,15 \pm 0,07$. Hubo una tendencia genética al aumento de la PM a lo largo de los años, que puede estar relacionada con el aumento de producción de leche de las vacas en este periodo. **Conclusiones:** la magnitud de estimación de PG indica que es posible realizar trabajos de selección con base en valores genéticos para disminuir la PM.

Palabras clave: heredabilidad, regresión logística, recursos genéticos, tendencia genética.

Keywords: genetic resources, genetic trend, heritability, logistic regression.

Efecto de la inclusión de madres receptoras en la evaluación genética para la estimación de componentes de varianza de características predestete en ganado Brahman

Effect of the inclusion of receiving dams in the genetic evaluation for the estimation of variance components of pre-weaning traits in Brahman cattle

Luisa F Naranjo Guerrero¹; Juan E Agudelo Giraldo²; Luis G González Herrera¹; Diana M Bolívar Vergara¹.

¹Universidad Nacional de Colombia - UNAL. ²Zootecnista.

E-mail: lfnaranjoj@unal.edu.co

Antecedentes: las características predestete están influenciadas por un componente materno y para crías de transferencia de embriones (TE), por la influencia de las madres genética y receptora. **Objetivo:** determinar el efecto de la inclusión de madres receptoras en la evaluación genética para la estimación de componentes de varianza de características predestete en ganado Brahman. **Método:** se usó información productiva (10095 y 18666 pesos a los 4 meses y destete, respectivamente) y genealógica (42603) de un hato Brahman de Colombia. Para estimar parámetros genéticos (PG) se usó un modelo animal (software Wombat) y se evaluaron tres modelos con diferente inclusión de las madres genéticas y receptoras (para crías TE): 1. Modelo incluyendo madre receptora para estimar el efecto materno y el ambiente permanente (MMR), 2. Modelo incluyendo la madre genética para estimar el efecto materno y el ambiente permanente (MMG), y 3. Modelo incluyendo la madre genética para estimar el efecto materno y la madre receptora para estimar el ambiente permanente (MMGR). **Resultados:** los valores de heredabilidad directa fueron $0,800 \pm 0,058$ (MMR), $0,331 \pm 0,047$ (MMG) y $0,331 \pm 0,047$ (MMGR) para P4M y de $0,484 \pm 0,038$ (MMR), $0,227 \pm 0,028$ (MMG) y $0,222 \pm 0,027$ (MMGR) para PD. Valores de heredabilidad materna de $0,343 \pm 0,028$ (MMR), $0,113 \pm 0,027$ (MMG) y $0,140 \pm 0,028$ (MMGR) para P4M y de $0,242 \pm 0,022$ (MMR), $0,091 \pm 0,018$ (MMG) y $0,090 \pm 0,016$ (MMGR) para PD. Valores de correlación genética entre los dos efectos fueron $-0,914 \pm 0,021$ (MMR), $-0,824 \pm 0,055$ (MMG) y $-0,731 \pm 0,063$ (MMGR) para P4M y de $-0,863 \pm 0,027$ (MMR), $-0,674 \pm 0,065$ (MMG) y $-0,672 \pm 0,061$ (MMGR) para PD. Valores de ambiente permanente fueron de $0,040 \pm 0,016$ (MMR), $0,063 \pm 0,012$ (MMG) y $0,142 \pm 0,014$ (MMGR) para P4M y de $0,122 \pm 0,014$ (MMR), $0,080 \pm 0,010$ (MMG) y $0,191 \pm 0,010$ (MMGR) para PD. **Conclusiones:** para el MMR las estimativas de PG fueron sobreestimadas respecto a los MMG y MMGR. No es adecuado asignar el efecto materno directo a las receptoras. Además, se conoce el efecto de las receptoras en el predestete de las crías, siendo erróneo estimar los PG asignando todo el efecto materno a las madres genéticas.

Palabras clave: modelo lineal, receptora, transferencia de embriones.

Keywords: embryo transfer, linear model, recipients.

Tendencias genéticas para características de crecimiento del núcleo de conservación de la raza criolla Sanmartinero en los llanos orientales de Colombia

Genetic trends for growth characteristics of conservation herd of Sanmartinero creole breed in eastern plains of Colombia

Jaime A Rosero Alpala¹; Héctor G Onofre Rodríguez¹; William A Correal Galindo¹; Diego H Bejarano Garavito²; William O Burgos Paz².

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - C.I. La Libertad. ²Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - AGROSAVIA - C.I. Tibaitatá.

E-mail: jroseroa@agrosavia.co

Antecedentes: Colombia cuenta con gran agrobiodiversidad de recursos zoogenéticos, en especial de razas bovinas localmente adaptadas a los ecosistemas o también llamadas criollas, entre ellas la raza Sanmartinero que se conformó bajo las condiciones medioambientales del piedemonte de los llanos orientales. El programa de conservación de esta raza ha buscado mantener su capacidad productiva con miras a su uso en programas de mejoramiento genético y fortalecer su participación en el inventario bovino de la región. **Objetivo:** evaluar parámetros genéticos y la tendencia genética de características de crecimiento en el núcleo de conservación de la raza Sanmartinero del CI La Libertad. **Métodos:** se analizaron los registros genealógicos y productivos entre los años 1978 a 2022, para peso al nacimiento-PN, peso ajustado al destete-PD y peso ajustado a los 16 meses-P16m de edad de 5117 animales pertenecientes a las 10 familias del núcleo de conservación de la raza Sanmartinero. Los datos fueron analizados siguiendo la metodología del modelo animal, con efectos fijos de año de nacimiento, época de nacimiento (verano y lluvia), sexo, finca y las covariables de edad al peso evaluado. Como efectos aleatorios se utilizó el efecto genético aditivo a través de la matriz de parentesco combinada con la información molecular mediante la metodología ssBLUP. Para la variable PD se incluyó el efecto aleatorio materno. **Resultados:** el peso promedio fue $27,84 \pm 1,5$ kg para PN, $174,5 \pm 28,86$ kg para PD y $218,4 \pm 25,79$ para P16m. La heredabilidad de estos rasgos fue: 0,195, 0,325 y 0,221 para PN, PD y P16m respectivamente. Respecto a las tendencias genéticas, se obtuvieron cambios positivos para PN = $3,3g/año$, PD = $117,3g/año$ y P16m = $33,2g/año$, lo que indica una tendencia creciente, aunque con una alta variación a través de los años. **Conclusiones:** las tendencias genéticas en las características de PD y P16m muestran un comportamiento creciente a pesar de ser poblaciones sin presión de selección. Se identificaron individuos con valores genéticos superiores para las características de crecimiento que pueden ser empleados como reproductores en hatos puros para acelerar el progreso genético.

Palabras clave: conservación, heredabilidad, parámetros, razas locales, valores genéticos.

Keywords: breeding values, conservation, heritability, local breeds, parameters.

Rev Colomb Cienc Pecu 2024; 37(Supl)

Análisis exploratorio del impacto en la genética y el fenotipo del uso de transferencia de embriones en una ganadería de carne

Exploratory analysis of the impact on genetics and the phenotype by using embryo transfer in a beef cattle herd

Luis G González Herrera¹; Diana M Bolívar Vergara¹; Luisa F Naranjo Guerrero²; Juan E Agudelo Giraldo³.

¹Integrante Grupo de Investigación en Biodiversidad y Genética Molecular (BIOGEM); Universidad Nacional de Colombia - UNAL; sede Medellín. ²Estudiante de maestría en Ciencias Agrarias Universidad Nacional de Colombia - UNAL; sede Medellín. ³Zootecnista.

E-mail: luggonzalezhe@unal.edu.co

Antecedentes: en Colombia se usa masivamente la transferencia de embriones (TE) como herramienta de mejoramiento genético (MG). Sin embargo, los individuos utilizados con esta biotecnología son seleccionados básicamente por su fenotipo y no por su valor genético (VG). **Objetivo:** identificar el impacto del uso de TE en una ganadería de carne mediante análisis exploratorio. **Método:** se utilizaron VG y pesos (PD) de 11.677 crías destetadas entre 2009 y 2020, progenies de 347 toros y 4244 madres, en una ganadería de carne de trópico bajo y que nacieron bajo tres tipos de concepción (TC): TE, inseminación artificial (IA) y monta natural (MN). Con el fin de indagar el impacto del uso de TE en la ganadería, se utilizó un análisis exploratorio basado en promedios, gráficos de tendencias y de dispersión de VG y PD y porcentajes de animales asignados a diferentes categorías. **Resultados:** el promedio general de VG fue $5,20 \pm 8,43$, $4,55 \pm 6,05$ y $0,97 \pm 5,90$ y de PD fue $240,02 \pm 35,86$, $201,53 \pm 26,84$ y $197,68 \pm 24,52$, para TE, IA y MN, respectivamente. Un gráfico de dispersión que confronta el VG con el PD, muestra que crías nacidas por TE presentan mayor PD. El VG varió entre -20 y + 40 sin importar el TC, pero con tendencia a que animales nacidos por TE e IA presenten mayores VG. Cuando se comparan únicamente crías nacidas por TE, se observa crías de toros con VG y PD bajos, siendo óptimo que los toros para TE tengan VG alto. También se verificó que el VG de las crías de toros con VG altos y bajos no se vio influenciado por el VG de las madres con que se aparearon los toros. La tendencia genética presentó un aumento a lo largo de los años, especialmente para animales nacidos por TE. La tendencia fenotípica también mostró un leve aumento y fue mayor para animales nacidos por TE, siendo explicado en parte por el uso de madres receptoras. Finalmente, se observó un mayor porcentaje de éxito en cuanto a animales con alto VG y con PD superior a la media poblacional, cuando se generaron crías nacidas por TE. **Conclusiones:** el uso de TE ha contribuido al MG de PD en el hato estudiado. Sin embargo, se han utilizado toros para TE que no han contribuido al progreso genético de PD.

Palabras clave: gráficos de dispersión, habilidad de transmisión predicha, peso al destete.

Keywords: predicted transmission ability, scatter plots, weaning weight.

Polimorfismos en los genes CAPN, CAST, LEP, GH e IGF-1 y su asociación con el crecimiento corporal y muscular en ovinos de pelo colombiano

Polymorphisms in the CAPN, CAST, LEP, GH and IGF-1 genes and their association with body and muscle growth in Colombian hair sheep

Claudia P Lenis Valencia¹; Darwin Y Hernández Herrera²;
Luz A Álvarez Franco².

¹Grupo de Investigación en Mejoramiento Animal; Facultad de Ciencias Agropecuarias; Universidad de Sucre; Sincelejo; Colombia. ²Grupo de Investigación en Recursos Zoogenéticos; Facultad de Ciencias Agropecuarias; Universidad Nacional de Colombia - UNAL; Sede Palmira; Colombia.

E-mail: dyhernandezh@unal.edu.co

Antecedentes: polimorfismos en genes mayores se han asociado con aumentos en la producción animal. **Objetivo:** identificar y evaluar la asociación de SNP en los genes Calpaína (CAPN), Calpastatina (CAST), Leptina (LEP), Hormona del Crecimiento (GH) y Factor de Crecimiento Insulínico (IGF-1) con las características de crecimiento pesos al nacer (PN), destete ajustado a 120 días (PA120) y a los 210 días (PA210), con ganancias diarias de peso pre destete (GDPRE) y post destete (GDPOS) y las medidas de crecimiento del músculo *Longissimus dorsi*, área del ojo del lomo (AOL), profundidad del lomo (PL) y espesor de grasa dorsal (EGD) en ovinos de pelo. **Métodos:** en 142 corderos criados en un sistema silvopastoril hasta el destete y que luego pastorearon callejones del cultivo de la caña (*Saccharum officinarum*), se midieron los pesos, las ganancias diarias antes descritas y el crecimiento muscular por ultrasonografía a los 11 meses de edad. Posteriormente, mediante PCR-SSCP se genotipó un SNP en los genes CAPN, GH, IGF-1 y LEP, y mediante PCR-RFLP el gen CAST. La asociación entre las características y los genotipos se realizó con el programa PLINK v.1.9 mediante un análisis de regresión lineal que incluyó los efectos de sexo, tipo de parto, número de parto de la oveja y época de parto. Así mismo, se estimó el efecto de sustitución alélica. **Resultados:** se encontró asociación ($p < 0,05$) del polimorfismo CAST con el PN con mejor valor del genotipo heterocigoto ($3,52 \pm 0,7$ kg) y tendencias de asociación entre el SNP en el gen CAPN con PA210 ($p = 0,07$) y del SNP del *locus* IGF-1 con la GDPOS ($p = 0,07$). Las características AOL y EGD no se asociaron a ningún SNP, mientras que la PL se vio afectada ($p < 0,05$) por los SNPs en los genes GH e IGF-1, con mayor valor en el genotipo heterocigoto ($2,09 \pm 0,2$ cm). El cambio M > N en el gen CAST aumentó el PN en 0,48 kg, mientras que, el polimorfismo G > C en el gen IGF-1 disminuyó la PL 0,04 cm. Las demás sustituciones alélicas no tuvieron efecto. **Conclusiones:** los genes evaluados fueron polimórficos. El gen CAST influyó significativamente el PN. Los genes GH e IGF-1 afectaron la PL, pero solo el cambio alélico en IGF-1 afectó esta característica.

Palabras clave: crecimiento muscular; crecimiento post

destete, crecimiento pre destete.

Keywords: muscle growth, post-weaning growth, pre-weaning growth.

Identificación de un modelo de predicción para longevidad en la raza Holstein

Identification of a prediction model for longevity in the Holstein breed

Manuela Liebano Arango; Juan M Bonilla Hernández; Luis G González Herrera.

Universidad Nacional de Colombia - UNAL.

E-mail: mliebano@unal.edu.co

Antecedentes: la longevidad mide la capacidad de las vacas para permanecer en producción dentro del hato. Estimar un modelo de predicción para esta característica permite identificar de manera temprana vacas con vida productiva más larga. **Objetivo:** identificar un modelo de predicción para la longevidad en el hato Paysandú para vacas Holstein. **Método:** se evaluó información fenotípica de 387 vacas del hato Paysandú ubicado en Santa Elena-Colombia, nacidas entre 1959 y 2013, con partos registrados entre 1962 y 2022. Vacas con 6 o más partos se designaron como longevas (valor de “1”), vacas con menos de 6 partos, como no longevas (valor de “0”). Se utilizaron tres modelos de predicción lineales (M1 a M3) usando regresión logística. M1 incluía año de nacimiento (AN), edad de la vaca al primer parto (EVPM), producción de leche durante el primer parto (PL1) y días de lactancia durante el primer parto (DEL1); M2 incluía AN, edad de la vaca al segundo parto (EV2M), producción de leche promedio entre el primer y segundo parto (PL1_2) y días de lactancia promedio entre el primer y segundo parto (DEL1_2) y M3, AN, edad de la vaca al tercer parto (EV3M), producción de leche promedio entre el primer y tercer parto (PL1_3) y días de lactancia promedio entre el primer y tercer parto (DEL1_3). El mejor modelo se determinó de acuerdo con dos tipos de pseudo R^2 (McFadden y Nagelkerke) y a la capacidad de predicción en porcentaje. **Resultados:** la longevidad global fue del 25 %. Para M1 el pseudo R^2 fue de 0,17 y 0,26 respectivamente, la capacidad de predicción fue del 73 %, la variable AN fue significativa al 1 % y PL1 al 5 %. Para M2 el pseudo R^2 fue de 0,25 y 0,39 respectivamente, la capacidad de predicción fue del 75 %, las variables AN y PL1_2 fueron significativas al 1 %, EV2M y DEL1_2 al 5 %, y para M3, el pseudo R^2 fue de 0,25 y 0,39 respectivamente, la capacidad de predicción fue del 74 %, la variable AN fue significativa al 5 %, PL1 al 10 % y DEL1_3 al 1 %. **Conclusión:** la mejor manera de predecir la longevidad es utilizando M2, esto permitirá identificar de manera temprana vacas con mayor probabilidad de tener una vida productiva más larga, obteniendo así mayor rentabilidad a largo plazo.

Palabras clave: capacidad de predicción, regresión logística, vida productiva.

Keywords: logistic regression, predictive power, productive life.

Evaluación de la calidad espermática de semen criopreservado de ovinos suplementados con extracto etanólico de propóleo

Evaluation of sperm quality in cryopreserved semen from sheep supplemented with ethanolic extract of propolis

Shirley A Flórez Rodríguez¹; José F Pérez Osorio¹; Eliana N Rivera²; Henry A Grajales Lombana³.

¹Universidad de Cundinamarca. ²Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - AGROSAVIA. ³Universidad Nacional de Colombia - UNAL.

E-mail: sandreaflomez@ucundinamarca.edu.co

Introduction: ethanolic extract of propolis (EEP) administered to rodents, rabbits and sheep reduced cellular oxidative stress and oxidative damage at the testicular level, improving sperm cell quality. **Objective:** to evaluate the effect of EEP consumption on the sperm quality of cryopreserved ovine semen. **Methodology:** the EEP contained 8840 mg of total phenols/L of extract. Ten mature male sheep, located at the Sheep Research and Technological Development and Extension Center, were used. The T.C group received 30 mL of physiological solution and the T. PRO group received 30 mL of EEP diluted 70 % in distilled water and administered orally for 47 days, with 14 days of adaptation. Semen collection was performed on days zero, 30 and 60 post-supplementation, using electroejaculation and the semen was cryopreserved in a machine. The variables evaluated were: Total motility (MT %), progressive motility (MP %) , using Androvision[®], plasma membrane integrity (IMP%), using 6-carboxy-fluorescein diacetate and propidium iodide, and mitochondrial function (FM %) with Rhodamine 123. The mean and standard error were obtained, and the groups were compared using the T-student test (95 %). **Results:** at day 0 there were no differences between the TC group: MT % 84.85 ± 5.08; MP % 64.14 ± 15.37; IMP % 30.00 ± 20.61; FM % 36.63 ± 33.83 and the TPRO: MT % 74.02 ± 26.22; MP % 51.35 ± 25.73; IMP % 34.67 ± 16.15; FM % 32.25 ± 21.24. At day 30, sperm quality presented statistical differences ($p < 0.05$): MT % 58.01 ± 33.06 vs 71.27 ± 22.65, MP % 27.18 ± 16.40 vs 52.30 ± 24.34, IMP % 11.00 ± 10.68 vs 25.92 ± 6.91 and FM % 17.00 ± 13.20 vs 34.50 ± 5.57, for TC and TPRO, respectively. At day sixty, there was no statistical difference. **Conclusion:** EEP improved sperm quality of sheep cryopreserved semen with 30 days of supplementation, possibly as an effect of phenolic compounds, whose antioxidant function protects membranes against oxidative stress and cryopreservation damage. It is recommended to evaluate antioxidant production at the seminal plasma level and measure oxidative stress to understand the effect of EEP on reproduction.

Keywords: cryopreservation, fluorescent probes, propolis, rams, semen quality.

Palabras clave: calidad seminal, carneros, criopreservación, propóleo, sondas fluorescentes.

Diferencia en los ingresos económicos debido a la selección con base en el valor genético en ganado de carne y leche en trópico bajo

Difference in economic income due to selection base on breeding value in beef and dairy cattle in the low tropics

Luis G González Herrera¹; Diana M Bolívar Vergara¹; Juan C Rincón Flórez².

¹Grupo de Investigación en Biodiversidad y Genética Molecular (BIOGEM); Universidad Nacional de Colombia - UNAL; sede Medellín. ²Grupo de Investigación Recursos Zoogenéticos Palmira; Facultad de Ciencias Agropecuarias; Universidad Nacional de Colombia - UNAL; Sede Palmira.

E-mail: luggonzalezhe@unal.edu.co

Antecedentes: la selección de reproductores bovinos nacidos en Colombia se ha hecho principalmente con base en el fenotipo y no en el valor genético de los animales. **Objetivo:** determinar la diferencia en ingresos económicos debido a la selección de animales de alto mérito genético para características de interés en ganado de trópico bajo. **Método:** se realizó evaluación genética por medio de un modelo animal usando WOMBAT, para las características peso al destete (PD) y producción de leche ajustada a 305 días (P305) de dos haciendas ubicadas en trópico bajo (no se mencionan las ganaderías por motivos de confidencialidad). Se obtuvieron habilidades de transmisión (DEP para PD y PTA para P305). Se conformaron dos grupos de reproductores para cada característica, tres toros con valor genético positivo (GA) y tres toros con valor genético negativo o cercano a cero (GB). Se comparó el promedio de DEP y el fenotípico promedio de las crías entre GA y GB para PD en la ganadería de carne, asumiendo 60 crías nacidas por año durante tres años; para la ganadería de leche se tuvo en cuenta el PTA, asumiendo 50 hijas de los reproductores de los dos grupos que tuvieron lactancias en seis años para P305. La diferencia de promedios entre GA y GB fue multiplicada por el precio del kilogramo que se venden las crías para PD y por litro de leche, para estimar el ingreso diferencial obtenido si se usaran toros del GA vs toros del GB. **Resultados:** la DEP promedio de toros GA fue positiva en cada año. Todo lo contrario, ocurrió para el GB. El mismo comportamiento fue observado para las PTA de los dos grupos. La diferencia en fenotipo fue superior para GA en cada año para las dos características. El ingreso económico adicional estimado desde lo genético por utilizar animales de mérito superior para PD varió entre 9.914.400 y 10.540.800 COP y entre 17.773.750 y 35.028.750 COP para P305. El ingreso económico adicional estimado para el fenotipo varió entre 17.328.600 y 37.897.200 COP para PD y entre 6.443.750 y 89.312.500 COP para P305. **Conclusiones:** desde el punto de vista de ingreso económico adicional, se debe realizar selección de reproductores con base en la habilidad de transmisión.

Palabras clave: habilidad de transmisión predicha, ingreso económico, peso al destete, producción de leche.

Keywords: economic income, milk yield, predicted transmission ability, weaning weight.

Identificación de un modelo lineal para el análisis del coeficiente de destete en dos razas bovinas de carne en trópico bajo

Identification of a linear model for the analysis of the weaning coefficient in two beef cattle breeds in the low tropics

Susana Misas¹; Samir J Calvo Cardona²; Luis G González Herrera³.

¹Universidad Nacional de Colombia - UNAL. ²Data Plus CIC.

³Docente Grupo de Investigación en Biodiversidad y Genética Molecular (BIOGEM); Universidad Nacional de Colombia - UNAL.

E-mail: smisasv@unal.edu.co

Antecedentes: el peso al destete es una característica de importancia económica para las ganaderías, sirve como indicador de la habilidad materna de las vacas. El coeficiente de destete (CD) es la relación entre el peso al destete de la cría y el peso de la vaca al destete y es una herramienta que complementa el criterio de selección de hembras reproductoras. **Objetivo:** identificar los efectos significativos para la característica coeficiente de destete en dos razas enfocadas en la producción de carne en trópico bajo para incluirlos en una posterior evaluación genética para esta característica. **Métodos:** se empleó información de registros productivos y reproductivos provenientes de una ganadería ubicada en La Virginia, Risaralda, Colombia. Se analizaron registros de 77 vacas Blanco Orejinegro (BON) y 76 vacas Brahman (BR). Se consideraron registros de información de 21 años de hembras entre uno y ocho partos en ambas razas. Se calculó el CD para cada vaca en cada parto. Se establecieron dos épocas de parto (EP), la primera conformada por los meses de diciembre a febrero y de junio a agosto, la segunda conformada de marzo a mayo y septiembre a noviembre, según el régimen de lluvias de la región; se incluyeron también en la construcción del modelo el sexo de la cría (SX), edad de la vaca al parto (EVP), número de parto (NP), año de parto (AP) y raza. Se realizó un análisis exploratorio y luego se construyó el modelo lineal con los efectos antes mencionados utilizando el software R Project. **Resultados:** para el total de la población se encontró un CD promedio de 47,25 % y que varía entre 22,08 % y 76,64 %. Los efectos que fueron significativos para la CD fueron, la raza, el SX, AP. Para los efectos incluidos en el modelo se obtuvieron los siguientes promedios ajustados: por SX 45 % para crías hembras y 49,6 % para crías macho; por raza 48,6 % para BR y 46,2 % para BON. Por AP el CD varió entre 39,3 % y 50,9 % mostrando una tendencia a disminuir en los últimos años evaluados. **Conclusiones:** en la evaluación genética de CD para las razas BON y BR de esta ganadería, deben ser incluidos los efectos fijos de SX, raza y AP, que tuvieron una significancia menor al 0,001.

Palabras clave: habilidad materna, peso al destete, producción de carne.

Keywords: maternal ability, meat production, weaning weight.

Uso potencial de microarreglos de SNP de bovinos para la evaluación genética de poblaciones bufalinas en Colombia

Potential useful of bovine SNP microarray for genetic evaluation of buffalo populations in Colombia

William Burgos-Paz¹; Yolanda Gómez Vargas¹; Divier Agudelo Gómez²; Edison Ramírez Toro¹.

¹Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria-AGROSAVIA. ²Universidad CES.

E-mail: wburgos@agrosavia.co

Antecedentes: la selección de reproductores bufalinos en Colombia se basa en la evaluación del mérito genético o en pruebas de desempeño; y a pesar de contar con herramientas de genotipado para búfalos, su relación costo beneficio no permite su implementación rutinaria en el país para selección genómica. **Objetivo:** evaluar el desempeño de tres microarreglos de SNPs diseñados para bovinos con uso potencial para la evaluación genética de poblaciones bufalinas en Colombia. **Métodos:** se extrajo ADN a partir de 27 muestras de sangre de individuos bufalinos (murrh, mediterráneo y mestizo) participantes de la prueba de desempeño realizada entre febrero y noviembre de 2022. El ADN fue analizado con el Array HD770K (Illumina) y se crearon los microarreglos GGP-HD150K y GGP-LD30K (Illumina) mediante la selección de SNPs incluidos en array HD770K. Se evaluaron SNPs autosómicos, se estimó la heterocigosidad esperada y observada, así como la estructura poblacional en búfalos y respecto a muestras de bovinos Brahman, Holstein y criollos pertenecientes a AGROSAVIA. La depuración y el análisis de datos se realizaron con el programa PLINK y scripts en R. **Resultados:** la tasa de llamado de SNPs por muestra con el array HD770K fue superior al 98 %. De 734.240 SNPs identificados, 86.521 (11,7 %) segregan en búfalos en una proporción uniforme a través de los cromosomas (entre 10,8 % - BTA11 y 12,5 % -BTA12). Al extraer los SNPs segregantes presentes en los microarreglos GGP-HD150K y GGP-LD30K, se identificaron 15.169 y 3.311 marcadores respectivamente. La heterocigosidad observada y esperada fue mayor en bovinos, pero el tamaño de muestras pudo afectar este valor. Los marcadores segregantes permitieron clasificar tres grupos genéticos definidos dentro de la población de búfalos en los tres microarreglos evaluados y se detectaron las mismas relaciones entre individuos en matrices de distancia genética. **Conclusiones:** los marcadores segregantes permitieron evaluar la estructura poblacional y las relaciones entre individuos bufalinos. Por el momento, la relación costo beneficio es favorable con un array 100 K de bovinos con miras a iniciar ensayos de valoración genómica en búfalos.

Palabras clave: costo beneficio, heterocigosidad, segregación, selección genómica.

Keywords: cost-benefit, genomic selection, heterozygosity, segregation.