

# UN CAMBIO DE MIRADA EN LA CRÍA ANIMAL APROVECHANDO LA INFORMACIÓN GENÓMICA

Coordinador: Poli M.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INTA, CICVyA-Instituto de Genética, Argentina.

[poli.mario@inta.gob.ar](mailto:poli.mario@inta.gob.ar)

El modelo “cuantitativo-molecular” para ser usado en la cría animal comienza a ser considerado a mediados de los ´80 con el desarrollo de nuevas tecnologías que permitieron acceder de manera más precisa y económica al estudio del ADN. El proyecto del genoma humano sintetizó y creó la plataforma para el desarrollo de innumerables tecnologías que permitieron avanzar en el conocimiento de la biología de los genomas y que hoy son usadas en diferentes áreas de la cría animal. En este simposio se presentarán diferentes ejemplos en los cuales se hace uso de tecnologías a nivel del ADN para caracterizar recursos genéticos por medio de marcadores moleculares y análisis de expresión génica en porcinos; clonación como una herramienta para preservar la genética de animales de interés deportivo; obtención de un genoma de referencia de alta calidad en la alpaca para la construcción de microarreglos de SNPs y su uso posterior en mejoramiento. Además, se presentarán las estrategias que se siguen en general en los planes de mejoramiento en los ovinos de la Patagonia sin uso de tecnologías a nivel del ADN y en los cuales la cantidad y calidad de lana han sido prioritarios por muchos años, sin embargo, recientemente los caracteres de aptitud carnífera han cobrado importancia. Por último se presentarán en bovinos y en ovinos dos casos con un abordaje multidisciplinario haciendo uso de las herramientas disponibles tanto de la genética cuantitativa como de la molecular para estudiar características productivas y sanitarias en un rodeo lechero comercial y en dos majadas experimentales.

---

## ESTRATEGIAS DE INVESTIGACIÓN MULTIDISCIPLINARIAS USANDO INFORMACIÓN GENÓMICA PARA LA ELECCIÓN DE ANIMALES SUPERIORES

Poli M.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INTA, CICVyA-Instituto de Genética, Argentina.

[poli.mario@inta.gob.ar](mailto:poli.mario@inta.gob.ar)

La demanda de alimentos de origen animal a nivel mundial se ha incrementado en los últimos 20 años sustancialmente y se espera que para el 2050 ésta sea 70% superior. Esta mayor producción no se hará con el incremento de la productividad de las regiones templadas, contrariamente la ganadería se ha desplazado a regiones subtropicales y tropicales en las cuales los animales se enfrentan a nuevos desafíos ambientales y sanitarios. Desde los ´90 numerosas tecnologías a nivel del ADN se han desarrollado y su bajo costo en algunas de ellas produjo la utilización de metodologías con un impacto importante en particular en la producción lechera. Sin embargo, la complejidad de los

sistemas de la cría animal demanda estrategias de investigación coordinada y multidisciplinaria para entender los determinantes biológicos de las características productivas y sanitarias. Con un enfoque multidisciplinario y haciendo uso de la información genómica dos ejemplos serán presentados: 1.- En bovinos para leche con la información producida por una empresa privada y usando un arreglo de SNPs en grupos de vacas con características productivas (controles lecheros) y sanitarias (mastitis y leucosis); 2.- En ovinos con majadas en unidades experimentales y apareamientos dirigidos creando líneas divergentes para la resistencia/susceptibilidad a las parasitosis gastrointestinales usando un arreglo de SNPs de genes candidatos a la respuesta inmune innata. La coordinación y multidisciplinaria de las investigaciones en la cría animal es imperativa para una producción animal sostenible.

---

## **MEJORAMIENTO GENÉTICO DE OVINOS EN LA PATAGONIA: ACTUALIDAD Y DESAFÍOS ANTE NUEVOS ESCENARIOS CLIMÁTICOS Y COMERCIALES**

Vozzi P.A.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>INTA EEA Chubut, Argentina.

[vozzi.alejandro@inta.gob.ar](mailto:vozzi.alejandro@inta.gob.ar)

La actividad ovina en la Patagonia Argentina representa la principal actividad ganadera, con implicancias directas sobre la industrial lanera y cárnica, la ocupación territorial y fortalecimiento de las economías regionales. Las existencias nacionales indican una representación de más del 70% del stock ovino nacional en la Patagonia, observándose una gran variabilidad en lo que respecta al tamaño de las producciones, sistemas de producción y niveles de tecnificación, pero en general se presentan objetivos de producción similares, orientados a la producción mixta de lana y carne. Dependiendo de la región agroecológica donde se produce, la raza utilizada determina la preferencia de producción, siendo la raza Merino muy orientada a la producción de lana fina y la Corriedale a la producción de carne. Recientemente fueron introducidos y evaluadas razas doble propósito, que intentan maximizar los ingresos simultáneos por lana y carne. Las diferentes razas adoptan estructuras genéticas piramidales con estrategias de mejora genética bien definidas para cada nivel. Caracteres que hacen a cantidad y calidad de lana y recientemente indicadores de aptitud carnicera son muy difundidos y se observan progresos genéticos sostenidos en la mayoría de las características utilizadas. Características relacionadas a eficiencia reproductiva, de alimentación y adaptación están siendo consideradas como posibles criterios de selección en los programas de mejora genética actuales.

---

## **CLONACIÓN EQUINA, HERRAMIENTA PRÁCTICA PARA PRESERVAR GÉNÉTICA**

Kaiser G.<sup>1</sup>, N. Mucci<sup>1</sup>, J. Mertián<sup>2</sup>, R. Santa Cruz<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Grupo de Biotecnología de la Reproducción, INTA Balcarce, Argentina; <sup>2</sup>Crestview Genetics Argentina.

[kaiser.german@inta.gob.ar](mailto:kaiser.german@inta.gob.ar)

La clonación es un proceso que permite la generación de un organismo genéticamente idéntico a otro mediante la utilización de una biotecnología reproductiva denominada transferencia nuclear con células somáticas (SCNT por sus siglas en inglés). Esta técnica fue evolucionando en las últimas décadas del siglo XX, alcanzando notorio suceso en el año 1996 al publicarse el nacimiento del primer mamífero clonado (oveja Dolly) utilizando como donante nuclear una célula somática. La fusión mediante un pulso eléctrico de una célula somática que contiene todos los cromosomas del individuo que se desea clonar con un óvulo al que previamente se le extrajo el núcleo y que por ende carece de información genética nuclear permite generar un embrión viable, previa reprogramación del ADN en el ambiente citoplasmático. Este descubrimiento marcó el fin del paradigma que sostenía que una célula diferenciada no puede reprogramarse a otra función. Una vez logrado el embrión el mismo puede ser transferido a una hembra receptora que lo gesta o criopreservado para ser utilizado en otro momento. La posibilidad de utilizar células somáticas ha permitido la difusión de esta técnica para reproducir ejemplares con características genéticas de interés productivo, machos castrados e incluso recuperar yeguas deportistas que en general tienen una senescencia reproductiva a una edad temprana (14-15 años) equivalente a la menopausia en humanos. La criopreservación de cultivos celulares a temprana edad constituye una reserva genética para ser utilizada en un futuro para la recuperación de individuos.

---

## **EL CERDO CRIOLLO PAMPA ROCHA DE URUGUAY COMO RECURSO ZOOGENÉTICO LOCAL (UNA MIRADA DESDE LA GENÉTICA)**

Llambí M.S.<sup>1</sup>, M. Montenegro<sup>1</sup>, C. Carballo<sup>2</sup>, G. Castro<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Facultad de Veterinaria, UdelaR-Uruguay; <sup>2</sup>Facultad de Agronomía, UdelaR-Uruguay.

[silvia.llambi@gmail.com](mailto:silvia.llambi@gmail.com)

El Pampa Rocha es la única raza criolla de cerdos reconocida oficialmente por nuestro País. Desde la década de 1990, la UdelaR viene trabajando intensamente con objetivos de conservación, aumentar su stock, estudiar su diversidad genética así como sus bondades productivas y reproductivas. Los pequeños productores resaltan la rusticidad, docilidad y habilidades maternas que posee esta raza. Fenotípicamente son animales de tamaño medio, con peso vivo promedio para machos adultos de 173 kg y hembras de 149 kg, pelaje color negro con hasta seis manchas blancas, orejas tipo célticas y perfil cóncavo. Estudios de diversidad genética con paneles de microsatélites recomendados por FAO-ISAG mostraron una alta variabilidad genética con bajos niveles de endogamia ( $F_{is}=0,047$ ). El estudio de polimorfismos en genes mayores (FUT-1, PEPCK-C, IGF2, MC4R, PRKAG3) asociados a características de interés productivo, han permitido obtener conocimiento sobre las

frecuencias alélicas circulantes en esta raza, para evaluar el potencial beneficio sobre su uso en programas de mejora genética. Un nuevo abordaje genético al estudio de caracterización de esta raza fue el análisis de expresión génica (ARNseq) en tejido muscular, de animales alimentados con dietas diferenciales en contenido lipídico. De estos estudios surge la identificación de genes con expresión diferencial (n=404) y función conocida en 359 de ellos.

---

## **AVANCES EN EL CONOCIMIENTO DEL GENOMA DE LA ALPACA**

Gutierrez Reynoso G.A.<sup>1</sup>, F.A. Ponce De Leon<sup>2</sup>. <sup>1</sup>Universidad Nacional Agraria La Molina, Perú; <sup>2</sup>University of Minnesota, USA.

[gustavogr@lamolina.edu.pe](mailto:gustavogr@lamolina.edu.pe)

La crianza de alpaca es una actividad económica importante para los pobladores de las regiones altoandinas y para la industria textil que transforma la fibra. Se ha reportado un mapa citogenético con 230 marcadores moleculares. Estudios recientes han localizado 6 genes relacionados al crecimiento y 5 genes relacionados al color de la fibra. La base de datos del National Center for Biotechnology Information (NCBI), cuenta con información de dos genomas secuenciados de alpaca ensamblados a nivel de scaffolds (Vicugna\_pacos-2.0.2, cobertura 22X, y Vi\_pacos\_V1.0, cobertura 72.5X). Pruebas de paternidad basadas en el uso de marcadores microsatélites han sido validadas. Algunos estudios han reportado asociación significativa entre marcadores moleculares y fenotipos en alpacas. Nuestro objetivo es construir una micromatriz de 50.000 polimorfismos de nucleótido simple (PNS) para aplicar técnicas modernas de mejoramiento genético en alpacas. Nuestros estudios preliminares han identificado 400 (PNS) en alpacas y 33 grupos ligados de 210 PNS de bovinos con señal positiva en alpacas. Recientemente, secuenciando 150 bibliotecas reducidas de ADN obtuvimos >4,5 millones de PNSs. La construcción de la micromatriz de PNSs y un primer estudio de asociación entre marcadores moleculares y finura de fibra se encuentran en progreso.

---