

Resúmenes para el área de
GENÉTICA Y MEJORAMIENTO GENÉTICO



Resultados preliminares del estudio del cariotipo del caballo criollo araucano, Colombia

Arcesio Salamanca C.^{1*}, Virginia Hernández¹, Daniel Caviedes²

¹Grupo de Investigaciones Los Araucos, ²Auxiliar de Investigación. ^{1,2}Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia sede Arauca. Km 1 vía a Caño Limón, Arauca, Arauca, Colombia. Correo electrónico: *asaca_65@yahoo.es

Resumen

El caballo criollo araucano (*Equus caballus*) es un valioso recurso zoogenético de la sabana inundable araucana y una herramienta útil para los trabajos de vaquería, sin embargo, son pocos los estudios citogenéticos que se conocen; el presente trabajo tiene como objetivo presentar los resultados preliminares obtenidos en el estudio del cariotipo del caballo criollo araucano. Se han tomado muestras de sangre por venopunción de la vena yugular y se han almacenado en tubos con heparina sódica a cinco caballos criollos con edad promedio de siete años, y se han procesado en el Laboratorio de Básicas Biomedicas de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Cooperativa de Colombia sede Arauca. Para la obtención de metafases se realizaron cultivos de linfocitos: Sangre entera, 500 µl; RPMI 1640, 5 ml; Suero Fetal Bovino, 250 µl; Fitohemaglutinina, 50 µl; Penicilina/Estreptomicina, 50 µl; Heparina sódica, 5 µl. Los cultivos se incubaron por 48 y 72 horas a 38 °C, se expusieron a Colchicina, 150 µl por 30 minutos antes de la cosecha; luego fueron centrifugados en tubos falcon de 15 ml a 1500 rpm por 10 minutos. Se retiró el sobrenadante y la suspensión celular se sometió a solución hipotónica precalentada (KCl, 0.075 M), agregando 5 ml por 30 minutos a 38 °C. Se realizó una fijación con 1 ml de Carnoy (3:1, metanol:ácido acético), se homogenizó y se centrifugó a 1500 rpm por 10 minutos; se retiró el sobrenadante y nuevamente se aplicó Carnoy, 3 ml, se centrifugó nuevamente a 1500 rpm por 10 minutos, realizando hasta 3 a 4 lavados hasta obtener precipitados limpios. La concentración celular de los cultivos se han dejado caer al goteo sobre láminas congeladas para realizar la

coloración con Giemsa. Las láminas preparadas se observaron al microscopio con aumento de 40x y 100x. Como resultados preliminares se han obtenido unas 30 metafases, de las cuales se ha tomado fotografías. Se continua con el trabajo para aumentar el numero de metafases y armar el cariotipo de línea base, para realizar un analisis cromosómico de tipo estructural (forma) y posterior comparación con grupos semejantes (caballos de coleo).

Palabras clave: Cromosomas, clima tropical, recurso genético, biodiversidad



Preliminary results of the study of the karyotype of the Araucano creole horse, Colombia

Keywords: Chromosomes, tropical climate, genetic resource, biodiversity.

Abstract

The Araucano creole horse (*Equus caballus*) is a highly valuable zoo genetic resource of the flooding savanna in Arauca and a very useful tool for the livestock duties, however, there are few know cytogenetic studies. This work has as main objective to present the preliminary results obtained in the study of the karyotype of the Araucano creole horse. Blood samples have been taken by venipuncture of the jugular vein and stored in tubes with sodium heparin from five Creole horses with an average age of seven years, they were processed in the Laboratory of Biomedical Biology of the Faculty of Veterinary Medicine and Zootechnics of the Universidad Cooperativa de Colombia, Arauca campus. Lymphocyte cultures were performed to obtain metaphases: Whole blood, 500 µl; RPMI 1640, 5 ml; Bovine Fetal Serum, 250 µl; Phytohemagglutinin, 50 µl; Penicillin / Streptomycin, 50 µl; Heparin sodium, 5 µl. The cultures were incubated for 48 and 72 hours at 38 ° C, then exposed to Colchicine, 150 µl for 30 minutes before harvesting; then they were centrifuged in 15 ml falcon tubes at 1500 rpm for 10 minutes. The supernatant was removed and the cell suspension was subjected to a pre-heated hypotonic solution (KCl, 0.075 M), adding 5 ml for 30 minutes at 38 ° C. A pre-fixation was carried out with 1 ml of Carnoy (3: 1, methanol: acetic acid), homogenized and centrifuged at 1500 rpm for 10 minutes; the supernatant was removed and again Carnoy, 3 ml was applied; it was centrifuged again at 1500 rpm for 10 minutes, making up to 3 to 4 washes until obtaining clean precipitates. The cell concentration of the cultures was dropped to dripping on frozen plates to perform the Giemsa stain. The prepared plates were observed under the microscope at 40x and 100x magnification. As preliminary results, some 30 metaphases have been obtained, from which photographs have been taken. Work continues to increase the number of metaphases and make the baseline karyotype, to perform a chromosomal analysis of structural type (form) and later comparison with similar groups (coleo horses).



Estandarización de protocolo de análisis citogenético en morrocoy (*Chelonoidis carbonaria*) localizados en el municipio de Arauca

Virginia Hernández¹, Arcesio Salamanca C.¹, Santiago Pachecho^{2*}, Sheyla Vargas², Laura Verdugo², Luisa Garrido².

¹Grupo de Investigaciones Los Araucos, ²Semillero de Investigación Cabalgando. ^{1,2}Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Cooperativa de Colombia sede Arauca. Km 1 vía a Caño Limón, Arauca, Arauca, Colombia. Correo electrónico: *santiagopachecho43@gmail.com

Resumen

La tortuga morrocoy (*Chelonoides carbonaria*) en los llanos orientales es utilizado con fines comerciales y culturales y como aperitivo para el consumo humano, generando una problemática para la especie por las prácticas de caza que realizan, tráfico ilegal y la deforestación o fragmentación de su hábitat; actualmente está en categoría de amenaza catalogado en peligro crítico según el Libro Rojo de Reptiles de Colombia. Como recurso genético en estudios de diversidad y de variabilidad con el fin de lograr preservar especies que estén amenazados y que son importantes para la biodiversidad de esta región de la Orinoquía. El presente trabajo tiene como objetivo presentar los resultados de estandarización del protocolo en citogenética clásica para *C. carbonaria* localizados en el municipio de Arauca. Se han tomado muestras de sangre por venopunción de la vena coccígea, yugular y se han almacenado en jeringas de plástico con 0,2 ml de heparina sódica por cada ml de sangre a cinco morrocoys con edad promedio de cinco años; las muestras han sido trasladadas al Laboratorio de Biomedicas de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Cooperativa de Colombia sede Arauca, para su respectivo procesamiento. Para la obtención de metafases se han realizado cultivos de linfocitos siguiendo el procedimiento: sangre, 500 µl; RPMI 1640, 4 ml; Suero Fetal Bovino, 500 µl; Fitohemaglutinina, 50 µl; Penicilina/Streptomycin, 50 µl. Los cultivos se han incubado por 70 horas a 37 °C y luego han sido expuestos a Colchicina, 150 µl por 2 horas de la cosecha; se procede a centrifugar en tubos

falcón de 15 ml a 1000 rpm por 10 minutos. Se retira el sobrenadante y la suspensión celular se somete a solución hipotónica precalentada (KCl) a una concentración de 0.075 M, agregando 5 ml por 2 horas a 37 °C. Luego se realizó la prefijación con 1 ml de Carnoy (3:1, metanol:ácido acético), se homogenizó y se centrifugó a 1000 rpm por 5 minutos; se retira el sobrenadante y nuevamente se realiza hasta 3 o 4 lavados aplicando Carnoy (3 ml), centrifugando a 1000 rpm por 5 minutos, hasta obtener un pellet limpio. La concentración celular de los cultivos se han dejado caer al goteo sobre láminas y fueron secadas a temperatura ambiente por 48 horas para realizar la coloración con Giemsa por 10 minutos. Las láminas preparadas se han observado al microscopio en 40X y 100X. Como resultados preliminares se han observado unas 60 metafases con citoplasma, de las cuales se les ha tomado fotografías; se continúa con el protocolo para aumentar el número de metafases y armar el cariotipo, para un análisis cromosómico estructural (forma) y posterior comparación con grupos semejantes.

Palabras clave: Cariotipo, peligro crítico, recurso genético, biodiversidad, conservación



Standardization of cytogenetic analysis protocol in morrocoy (*Chelonoidis carbonaria*) located in the municipality of Arauca.

Abstract

Morrocoy turtle (*Chelonoides carbonaria*) in the east planes is used with trading and cultural aims and as a snack for its consume in Colombia, leading a problematic for the species because of the hunting practices, ilegal trading, and deforestation or habitat fragmentation. Currently this pecies is in threathen category, catalogued in critical danger accorgin to the Libro Rojo de Los Reptiles en Colombia (Red book of the reptilia in Colombia), as a genetic resourse in studies of diversity and variability with the ain of preserving threathened species and which are important for this area of the Orinoquia region. This work has as main objective to present the results of the protocol in classical cytogenetics for *C. carbonaria* located in the municipality of Arauca. Blood samples have been taken by venipuncture of the coccygeal and jugular veins and stored in plastic syringes with 0.2 ml of sodium heparin for each ml of blood from five morrocoys with an average age of five years; the samples habe been taken to the Laboraotio de Biomedicas from the Vet and Zoothechnics Faculty of Universidad Cooperativa de Colombia in Arauca, for their procesing. To obtain metaphases lymphocyte cultures were carried out following the procedure: blood, 500 µl; RPMI 1640, 4 ml; Fetal Fetal Serum, 500 µl; Phytohemagglutinin, 50 µl; Penicillin / Streptomycin, 50 µl. The cultures were incubated for 70 hours at 37 ° C and then exposed to Colchicine, 150 µl for 2 hours of harvest; then, they were centrifugated in 15 ml falcon tubes at 1000 rpm for 10 minutes. The supernatant is removed and the cell suspension is subjected to a pre-heated hypotonic solution (KCl) at a concentration of 0.075 M, adding 5 ml for 2 hours at 37 ° C. Then the pre-fixation was carried out with 1 ml of Carnoy (3: 1, methanol: acetic acid), homogenized and centrifuged at 1000 rpm for 5 minutes; the supernatant is removed and again carried out until 3 or 4 washings applying Carnoy (3 ml), centrifuging at 1000 rpm for 5 minutes, until obtaining a clean pellet. The cell concentration of the cultures were dropped by drippingp on plates and dried at room temperature for 48 hours to perform the Giemsa

stain for 10 minutes. The prepared plates have been observed under a microscope at 40X and 100X. As preliminary results, some 60 metaphases with cytoplasm have been observed, from which photos have been taken; the protocol is continued to increase the number of metaphases and to make the karyotype, for a structural chromosomal analysis (form) and a later comparison with similar groups.

Keywords: Karyotype, critical danger, genetic resource, biodiversity, conservation.



Comportamiento sexual y número de progenies por toro Brahman en la región de la Orinoquía

Ariosto Ardila Silva¹, Liliana Chacón Jaramillo², Oscar Iván Navarro Fontalvo³, Cesar Augusto Ladino Arias⁴

¹Profesor e investigador de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad de La Salle. Bogotá: aardilas@lasalle.edu.co. ²Profesora e investigadora de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad de La Salle. Bogotá: lchacon@lasalle.edu.co. ³Estudiante de la maestría Ciencias Veterinarias de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de La Universidad de La Salle: oscarnavarro0614@hotmail.com. ⁴Estudiante de la maestría Ciencias Veterinarias de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de La Universidad de La Salle: cepa222@hotmail.com

Resumen

En ecosistemas de sabana inundable en ganadería de cría extensiva y monta multitoro, se requiere, además de la evaluación reproductiva, saber las paternidades. Por eso, el objetivo fue relacionar la evaluación reproductiva y el número de progenies por toro Brahman como contribución al mejoramiento de la productividad; el proyecto caracterizó y relacionó una variable del comportamiento sexual, líbido, con el número de progenies por toro Brahman. Se utilizaron 32 toros puros de la raza Brahman, aptos para la reproducción, evaluados por examen andrológico durante cada prueba de líbido. La prueba de libido (L) se realizó en potrero durante 12 horas continuas, en grupos de 4 toros con 10 vacas sincronizadas. Se evaluaron líbido y número de progenies por toro, observando asociaciones entre estas dos variables. Igualmente, se determinó la adaptabilidad de la raza Brahman en condiciones tropicales, y se observó estacionalidad de los comportamientos reproductivos durante la investigación en la sabana inundable de la Orinoquía Colombiana, en las dos épocas marcadas de lluvia y sequía. La Clasificación Andrológica por Puntos (CAP) para los toros Brahman contemplados en la investigación presentó una mediana, clasificada como excelente (4), y la mediana para líbido mostró que los comportamientos pre-copulatorios analizados fueron muy buenos (3). La prueba de progenie presentó al toro con código 965-6, con un máximo de 20 crías, en cuanto el 25% de los toros no

presentaron descendencia en la muestra genotipada durante el año de evaluación. Se puede concluir que, la relación de la calidad seminal, libido, capacidad de servicio, dominancia social y la identificación de paternidades, ofrece una información más completa para el mejoramiento de la productividad del hato ganadero en las sabanas inundables de la Orinoquía colombiana.

Palabras clave: Etología, caracterización, Orinoquía, prueba de paternidad



Sexual behavior and number of progenies per Brahman bull in Orinoquía region

Abstract

For cattle production of extensive breeding in an ecosystem of flooding savanna, it is required, besides of the reproductive evaluation, to know about the paternities. That's why, the objective of this study was to relate the reproductive evaluation and the number of broods per bull as a contribution to improve the productivity; the project characterized and related a variable of sexual behavior, libido, with the number of broods per bull, in the Brahman breed. 32 Brahman bulls were used, all of them suitable for reproduction, evaluated by andrological examination during each libido test. The libido test (L) was carried out in pasture for 12 continuous hours, in groups of 4 bulls with 10 synchronized cows. Libido and number of progenies per bull were evaluated, observing associations between these two variables. Likewise, the adaptability of the Brahman breed in tropical conditions was determined, and seasonality of the reproductive behaviors was observed during the investigation in the flooded savanna of the Colombian Orinoquía, in the two marked periods of rain and drought. The Andrological Classification by Points (CAP) for the Brahman bulls contemplated in the research presented a median, classified as excellent (4), and the median for libido showed that the pre-copulatory behaviors analyzed were very good (3). The progeny test presented the bull with code 965-6, with a maximum of 20 broods, as 25% of the bulls did not show brood in the genotyped sample during the evaluation year. It can be concluded that the relation of the sperm quality, libido, service capability, social dominance and the paternity identification, offers more complete information for the improvement of the productivity of cattle in the flooding savannas in Colombian Orinoquía.

Keywords: Ethology, characterization, Orinoquía, paternity testing.

Parámetros genéticos para características de peso en una población no seleccionada de Brahman comercial

Christian Fernando Bedoya Ospina^{1*} Zoot, Jovany Andrés Alzate Ramírez¹ Zoot, Juan Camilo Ángel Cardona¹ M.Sc, Carlos Santiago Escobar Restrepo² M.Sc, Samir Julián Calvo Cardona¹ Ph.D.

¹Universidad Católica de Oriente, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Grupo de investigación en agronomía y zootecnia GIAZ, Rionegro – Antioquia. ²Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias Agrarias, Grupo de Investigación en Ciencias Agrarias-GRICA, Medellín-Antioquia. *correspondencia: christian.zootecnia@gmail.com

Resumen

El objetivo de este estudio fue evaluar genéticamente una población no seleccionada de Brahman comercial para las características de peso al nacimiento y peso al destete. Para tal fin, se analizaron 1.015 registros de peso al nacimiento (PN) y peso al destete ajustado a los 270 días (PA270) de crías entre los años 2002 a 2014 pertenecientes a la hacienda La Envidia, ubicada en el municipio de Planeta Rica, Córdoba. Se utilizó un modelo animal Bi-carácter que incluyó efectos fijos de sexo, mes, año y edad al destete, efecto genético aditivo y el efecto materno, estimando los parámetros genéticos en el software MTDf-REML. Como resultados se encontró un promedio para PN de 29.62 ± 3.13 kg y coeficiente de variación (CV) del 10.6%. La media para PA270 fue de 216.713 ± 26.97 kg y CV 12.5%. Las estimativas de heredabilidad directa fue de 0.44 ± 0.14 y 0.39 ± 0.12 para PN y PA270, respectivamente. La heredabilidad materna fue de 0.09 ± 0.092 y 0.42 ± 0.087 para PN y PA270, respectivamente. La correlación genética y fenotípica entre las características evaluadas fueron de 0.11 y 0.13, respectivamente; con progreso genético por año para PN de -2.02 kg y 7.81 kg para PA270. Es indispensable llevar registros veraces para estructurar índices de selección con el fin de potencializar el progreso genético en hatos de carne colombianos; el presente estudio demuestra que el acompañamiento técnico y científico tiene efectos significativos sobre el mejoramiento de los

parámetros reproductivos, productivos y económicos.

Palabras clave: Correlación, heredabilidad, MTDf-REML y progreso genético.

Genetic parameters for weight traits in an unselected population of commercial Brahman breed

Abstract

The aim of this study was to genetically assess a non-selected population of commercial Brahman for the characteristics of birth weight and weaning weight. For such purpose, we analyzed 1,015 records of birth weight (PN) and weaning weight adjusted to 270 days (PA270) of calves between the years 2002 to 2014 belonging to the hacienda La Envidia, located in the municipality of Planeta Rica, An animal Bi-character model was used that included fixed effects of sex, month, year and age at weaning, additive genetic effect and maternal effect, estimating the genetic parameters in the MTDf-REML software. As results, an average for PN of 29.62 ± 3.13 kg and coefficient of variation (CV) of 10.6% was found. The mean for PA270 was 216.713 ± 26.97 kg and CV 12.5%. The estimates of direct heritability were 0.44 ± 0.14 and 0.39 ± 0.12 for PN and PA270, respectively. The maternal heritability was 0.09 ± 0.092 and 0.42 ± 0.087 for PN and PA270, respectively. The genetic and phenotypic correlation between the evaluated characteristics were 0.11 and 0.13, respectively; with genetic progress per year for PN of -2.02 kg and 7.81 kg for PA270. It is essential to keep accurate records to structure selection indexes in order to potentiate genetic progress in Colombian beef herds; the present study shows that technical and scientific accompaniment has significant effects on the improvement of reproductive, productive and economic parameters.

Keywords: Correlation, heritability, MTDf-REML and genetic progress.

Presentación del estudio de biodiversidad ovina utilizando el DNA mitocondrial de los ovinos Ibero-Americanos

Revelo H.^{1*}, Landi V⁴, Canales A.⁴, Delgado J.V.⁴,
Martínez, A⁴, Lara M.³, Álvarez L. A.². y
Consortio Biovis⁵

¹Doctorado en Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira. *hareveloc@unal.edu.co;
²Departamento de Ciencia Animal. Grupo Recursos Zoogenéticos. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira; ³Instituto de Zootecnia, APTA/ Secretaria de Agricultura e Abastecimento do Estado de São Paulo - Nova Odessa – SP

⁴Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, España; ⁵ <https://biohorse.jimdo.com/>.

Resumen

La comunidad científica ha demostrado preocupación e interés por conocer la diversidad genética de los recursos Zoogenéticos, por lo tanto, se han empleado estrategias como la arqueología, la historia y la genética molecular para entender el origen, la distribución geográfica y diversidad genética de los ovinos criollos en América del Sur. Sin embargo, la presencia de los ovinos criollos y su dispersión es compleja y aun no es claro. Si bien se conoce que la base genética deriva de los ovinos que llegaron desde la península Ibérica durante la época colonial existieron otras introducciones menos documentadas sobre todo de África. Bajo este contexto se está desarrollando este estudio de diversidad genética a través del Dloop del ADNmt en los ovinos criollos de Sur América, ya incluido en el precedente estudio con marcadores microsatélites del proyecto Biovis, con el fin de estudiar las relaciones filogenéticas con ovinos ibéricos, africanos y europeos. Para ello se evaluará la secuencia completa del Dloop (~800pb) marcadores de ADNmt en 15 razas criollas distribuida en el continente sur americano <https://biovis.jimdo.com/razas/>. Las secuencias serán comparadas con haplotipos reportados para ovinos de Europa y Asia en la base de dato NCBI.

Palabras clave: Ovinos criollos, ADN mitocondrial, herencia maternal.

Presentation of the ovine biodiversity study using the mitochondrial DNA of Ibero-American sheep

Abstract

Scientific community has shown to be worried and interested for knowing the genetic diversity of the zoogenetic resources, thus, strategies such as archeology, history, and molecular genetics have been implemented to understand the origin, the geographic distribution, and the genetic diversity of the creole sheep in South America. However, the presence of creole sheep and their distribution is complex and not clear yet. Although it its known that the genetic base comes from the ovine which arrived from the Iberian Peninsula during the colony time, there were other less documented introductions, mostly from Africa. In this context, this study of genetic diversity is being developed through the Dloop of mtDNA in the Creole sheep of South America, already included in the previous study with microsatellite markers of the Biovis project, in order to study the phylogenetic relationships with Iberian, African and European sheep. For this, the complete sequence of the Dloop (~ 800pb) mtDNA markers in 15 Creole races distributed in the South American continent <https://biovis.jimdo.com/razas/> will be evaluated. The sequences will be compared with haplotypes reported for sheep from Europe and Asia in the NCBI data base.

Keywords: Creole sheep, mitochondrial DNA, maternal inheritance.

Asociación de SNPs con el pH y la capacidad de retención de agua de la carne de ovinos criollos de pelo colombiano

Revelo H.^{1*}, Ariza M. F.², Bustamante M.³, Vergara O.³, Álvarez L. A.⁴

¹ Doctorado en Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira. *hareveloc@unal.edu.co; ² Departamento de Producción Animal. Grupo Genética Molecular Animal. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá, Colombia; ³ Departamento de Producción Animal. Grupo de Investigación en Producción Animal Tropical. Facultad de Medicina Veterinaria. Universidad de Córdoba, Montería, Colombia; ⁴ Departamento de Ciencia Animal. Grupo Recursos Zoogenéticos. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira.

Resumen

La capacidad de retención de agua (CRA) y el pH afectan la calidad de la carne ovina y están relacionadas con el color, firmeza, jugosidad y textura. El objetivo del trabajo fue identificar SNPs asociados a CRA y el pH de la carne en ovinos Criollos de pelo, para lo cual se sacrificaron 167 ovinos de un año de edad de los grupos raciales Etíope (OPC_E n=50), Sudán (OPC_S n=57) y Pelibuey (OPC_P, n=60), provenientes de los departamentos del Valle del Cauca, Córdoba y César. A los siete días *postmortem* se midió el pH y la CRA en el músculo *Longissimus dorsi*, los genotipos se obtuvieron con el microarreglo Illumina OvineSNP50 BeadChip, el análisis de asociación genómica se realizó mediante un modelo lineal mixto (MLM) y la anotación de genes se implementó con el genoma *Ovis aries v3.1*. El pH fue igual en los tres grupos raciales (5.7 ± 0.1). Los promedios de CRA por raza fueron: OPC_P: 36.80 ± 8, OPC_E: 30.6 ± 11 y OPC_S 40 ± 11. A partir del panel de 54.000 SNPs, se obtuvo información de 43067 SNPs que se utilizaron en el análisis de asociación: para CRA se determinó el efecto significativo de 19 SNPs (p<0.05), pero solo oas04510 y oas04810 presentaron función. En el pH se halló un efecto significativo de dos SNPs ubicados en regiones no codificantes. La evaluación genómica es una herramienta importante que permite realizar estudios de asociación confiables entre el genoma y

características relacionadas con calidad de la carne.

Palabras clave: Calidad de carne, GWAs, *Longissimus dorsi*.

Association of SNPs with the pH and capacity of water retention of the Colombian creole haired sheep

Abstract

The capacity of water retention (CRA) and the PH affect the quality of the sheep meat, and are also related to the color, firmness, juiciness and texture. The objective of this work was to identify SNPs associated to CRA and PH in meat from haired creole sheep. For this purpose 167 1 year old sheep were sacrificed in the racial groups Ethiopian (OPC_E n=50), Sudan (OPC_S n=57) and Pelibuey (OPC_P, n=60), coming from the departments of Valle del Cauca, Cordoba and Cesar. Seven days post-mortem, the PH and CRA was measured in the *Longissimus dorsi* muscle. The genotypes were obtained with the Illumina OvineSNP50 BeadChip microarray, the genomic association analysis was performed using a mixed linear model (MLM) and gene annotation was implemented with the *Ovis aries v3.1* genome. The pH was the same in the three racial groups (5.7 ± 0.1). The CRA averages by race were: OPC_P: 36.80 ± 8, OPCE: 30.6 ± 11 and OPCs 40 ± 11. From the panel of 54,000 SNPs, information was obtained of 43067 SNPs which was used in the analysis of association: for CRA the significant effect of 19 SNPs was determined (p < 0.05), but only oas04510 and oas04810 presented function. In the pH there was a significant effect of two SNPs located in non-coding regions. Genomic evaluation is an important tool that allows reliable association studies between the genome and characteristics related to meat quality.

Keywords: Quality of meat, GWAs, *Longissimus dorsi*.



Los marcadores SNPs revelan la estructura genética de tres poblaciones de ovinos de pelo criollos colombianos

Revelo H.^{1*}, Ariza M. F.², Bustamante M.³, Vergara O.³, Álvarez L. A.⁴

¹ Doctorado en Ciencias Agrarias. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira. *hareveloc@unal.edu.co; ² Departamento de Producción Animal. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá. Colombia; ³ Departamento de Producción Animal. Facultad de Medicina Veterinaria. Universidad de Córdoba. Montería. Colombia; ⁴ Departamento de Ciencia Animal. Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira.

Resumen

Para investigar la estructura genética de tres poblaciones de ovinos de pelo criollos (OPC) aún no reconocidas como razas, se extrajo ADN de 50 animales Sudan (OPC_S) y 57 Etíope (OPC_E) provenientes de los departamentos de Córdoba y Cesar (Región Caribe) y de 60 Pelibuey (OPC_P), muestreados en el departamento del Valle del Cauca (Región Pacífica). Los animales fueron genotipados con un Chip de 54.241 SNPs de Illumina (OvineSNP50 BeadChip). Después del control de calidad se obtuvo información de 41.262 SNPs, de los cuales al eliminar los marcadores en desequilibrio de ligamiento (LD de 0.01) se conservaron 5233 con relativamente bajos niveles de datos faltantes por individuo. Estos marcadores permitieron identificar la variabilidad genética e inferir las relaciones genealógicas entre las tres poblaciones con un índice de diferenciación genética F_{ST} de 0.058, ($P < 0.01$). Un análisis de componentes principales permitió la reconstrucción filogenética y el análisis de la estructura genética que además de otras pruebas, posibilitó la asignación de los individuos a tres grupos genéticos divergentes y una posterior reestructuración en siete subgrupos geográficos. Estos resultados sustentan la necesidad de asignar el estatus de raza a estas poblaciones localmente adaptadas, que han sido conservadas y utilizadas por los productores desde la época de la colonia.

Palabras clave: *Ovis aries*, recursos zoogenéticos, marcadores moleculares

Markers SNPs reveal the genetic structure of three populations of colombian criollos hair sheep

Abstract

To investigate the genetic structure of three populations of Creole hair sheep (OPC) not yet recognized as breeds, DNA was extracted from 50 Sudan (OPC_S) and 57 Ethiopian (OPC_E) animals from the departments of Córdoba and Cesar (Caribbean Region) and 60 Pelibuey (OPC_P), sampled in the department of Valle del Cauca (Pacific Region). The animals were genotyped with a chip of 54,241 Illumina SNPs (OvineSNP50 BeadChip). After quality control information was obtained of 41,262 SNPs, from which, when eliminating the markers in linkage disequilibrium (LD of 0.01), 5233 were preserved with relatively low levels of missing data per individual. These markers allowed us to identify the genetic variability and infer the genealogical relationships between the three populations with an F_{ST} genetic differentiation index of 0.058, ($P < 0.01$). A study of the main components allowed the phylogenetic reconstruction and the analysis of the genetic structure that, in addition to other tests, permitted the assignment of the individuals to three divergent genetic groups and a subsequent restructuring in seven geographical subgroups. These results support the need to assign the breed status to these locally adapted populations, which have been conserved and used by the producers since colonial times

Keywords: *Ovis aries*, animal genetic resources, molecular markers.



Evaluación genética de una población ovina de la raza Santa Inés en Colombia y Brasil

Jovany Andrés Alzate Ramírez^{1*} Zoot, Christian Fernando Bedoya Ospina¹ Zoot, Samir Julian Calvo Cardona¹ Ph.D.

¹Universidad Católica de Oriente, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Grupo de investigación en agronomía y zootecnia GIAZ, Rionegro – Antioquia. * correspondencia: Jovanyalzate.10@gmail.com

Resumen

La evaluación genética es una herramienta indispensable para seleccionar animales con alto mérito genético y al realizar programas de cruzamiento que permitan sacar al mercado animales más pesados, con alto rendimiento cárnico y de buena calidad. El objetivo de este trabajo fue evaluar genéticamente una población de ovinos de la raza Santa Inés en Colombia y Brasil usando inferencia bayesiana. El estudio se realizó tomando información obtenida de registros de tres producciones pecuarias especializadas en ovinocultura, la primera ubicada en el Municipio de la Ceja, Antioquia (Colombia), la segunda en el municipio de Barbosa, Antioquia (Colombia) y el tercero ubicado en el municipio de Gurjão, estado da Paraíba (Brasil). Para estimar los componentes de varianza y los parámetros genéticos se utilizó un modelo animal que incluyó los efectos fijos tipo de parto, sexo y redil y el efecto genético aditivo, utilizando la librería MCMCglmm del software R-project versión 3.4.2. La media y la desviación estándar encontrada para Peso al Nacimiento (PN), peso ajustado a los 120 días (PA120) y peso ajustado a los 210 días (PA210) para Colombia y Brasil fue de 3.25 ± 0.79 , 19.94 ± 3.30 , 41.15 ± 4.45 y 3.27 ± 0.72 , 14.1 ± 3.18 , 27.5 ± 2.22 respectivamente. La heredabilidad (h^2) para PN, PA120, PA210 para Colombia y Brasil fue de 0.68, 0.53, 0.38 y 0.46, 0.45, 0.44 respectivamente. Se puede concluir que es indispensable la toma de registros veraces en todas las explotaciones ovinas, con el fin de hacer una selección previa para el montaje de sistemas de apareamiento y cruzamiento, garantizando así la obtención de animales con mayor potencial genético y productivo.

Palabras clave: Heredabilidad, redil, R Studio, inferencia bayesiana.

Genetic evaluation of a sheep population of the Santa Inés breed in Colombia and Brazil

Abstract

The genetic evaluation is a key tool to select animals with a high genetic value and to make mixing programs which allow put in the market heavier animals, with high meat yield and quality. The objective of this work was to genetically evaluate a population of sheep of the Santa Inés breed in Colombia and Brasil using Bayesian inference. The study was conducted by taking information obtained from records of three livestock production specialized in ovine culture, the first one located in the Municipality of La Ceja, Antioquia (Colombia), the second one in the municipality of Barbosa, Antioquia (Colombia) and the third one located in the Municipality of Gurjão, state of Paraíba (Brazil). To estimate the components of variance and genetic parameters, an animal model was used that included the fixed effects type of: parturition, sex and sheepfold and the additive genetic effect, using the MCMCglmm library of the software R-project version 3.4.2. The mean and standard deviation found for Birth Weight (PN), adjusted weight at 120 days (PA120) and adjusted weight at 210 days (PA210) for Colombia and Brazil was 3.25 ± 0.79 , 19.94 ± 3.30 , 41.15 ± 4.45 and 3.27 ± 0.72 , 14.1 ± 3.18 , 27.5 ± 2.22 respectively. The heritability (h^2) for PN, PA120, PA210 for Colombia and Brazil was 0.68, 0.53, 0.38 and 0.46, 0.45, 0.44 respectively. It can be concluded that it is essential to take accurate records in all sheep farms, in order to make a preliminary selection for the setting of mating and crossbreeding systems, guaranteeing, in this way, the obtaining of animals with greater genetic and productive potential.

Keywords: Heredability, cote, R Studio, bayesian inference.

Características morfométricas relacionadas al salto en caballos de silla francesa: estimación de parámetros genéticos mediante inferencia Bayesiana

José Julián Lopera Cuervo ^{1*}, Zoot, Jovany Andrés Alzate Ramírez¹, Zoot, Christian Fernando Bedoya Ospina¹ Zoot, Samir Julián Calvo Cardona¹, Ph.D.

¹Universidad Católica de Oriente, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Grupo de investigación en agronomía y zootecnia GIAZ, Rionegro – Antioquia. *correspondencia: samirmejoramiento@gmail.com

Resumen

Colombia ha manifestado un fuerte interés por estudiar los caballos de tiro pesado de raza francesa dada su calidad genética y con miras a mejorar su desempeño para participar en concursos de salto en toda Suramérica; es por ello, que el objetivo del presente estudio fue estimar a través de análisis bayesiano parámetros genéticos para características del salto en una población de caballos de silla francés en el Oriente Antioqueño, utilizando información del criadero Harás San Isidro, ubicado en el municipio de la Ceja (Antioquia). Para tal fin, fueron evaluados 63 animales de la raza silla francesa con edades entre 0 a 36 meses para las características CACU (conformación de cabeza y cuello), PHE (conformación de pecho, hombro y espalda), DRC (conformación de dorso, riñones y cruz), PTG (perfil trasero o grupa), ART (articulaciones), APANT (aplomos anteriores), APOS (aplomos posteriores), LOC (locomoción), IMCO (impresión del conjunto y elegancia). La estimación de los componentes de varianza y heredabilidades se realizó mediante inferencia bayesiana usando la librería MCMCglmm del programa estadístico R-project versión 3.4.2. Las heredabilidades encontradas oscilaron entre 0.12 y 0.50 y correlaciones genéticas entre 0.53 y 0.96 para las características evaluadas. Los resultados de este trabajo aportan una importante herramienta de selección para los productores y la toma de decisiones en un programa de mejoramiento genético en los criaderos colombianos.

Palabras clave: Evaluación genética, heredabilidad, inferencia bayesiana

Morphometric traits related to jumping in "selle francais" horses: estimating genetic parameters using Bayesian inference

Abstract

Colombia has shown a strong interest for the study of heavy draft horses of French breed, due to its genetic quality and with aims to improve its performance to participate in jump competitions in South America. That is why, the objective of this study was to estimate through a Bayesian analysis genetic parameters for jump characteristics in a population of selle Français horses in west Antioquia, using information from the breeding farm Haras San Isidro, located in the municipality of La Ceja (Antioquia). For such purpose, 63 selle Français horses were evaluated with ages ranging from 0 to 36 months for the characteristics CACU (Head and Neck conformation), PHE (Chest, shoulder and back conformation), DRC (Back, kidneys and cross), PTG (Back profile or rump), ART (Articulations), APANT (back aplombs), APOS (front aplombs), LOC (Locomotion), IMCO (Overall impression and elegance). The variance and heritability components were estimated using Bayesian inference using the MCMCglmm library of the statistical program R-project version 3.4.2. The heritabilities found ranged between 0.12 and 0.50 and genetic correlations between 0.53 and 0.96 for the evaluated characteristics. The results of this work provide an important selection tool for producers and decision making in a breeding program in Colombian breeding sites.

Keywords: Genetic evaluation, heritability, bayesian inference.

Efecto de la baja temperatura sobre la producción y calidad de leche en vacas Ayrshire de Colombia

Juan David Corrales Alvarez*¹, Johana Ramírez Díaz², Alexander Navas Panadero¹.

¹jdcorrales@unisalle.edu.co, ²jhanaun@gmail.com, ³anavas@unisalle.edu.co

Resumen

Las variaciones ambientales derivadas del cambio climático afectan la eficiencia de los sistemas lecheros en el mundo, anualmente las pérdidas reportadas en sistemas de producción bovina ascienden a los \$2,36 mil millones de dólares, de las cuales el 60% ocurre en los sistemas de producción de leche. Estimaciones realizadas por el NRC (1996) demostraron un aumento en el consumo de alimento de aproximadamente 0.4 lb cuando ocurre una caída en la temperatura próxima a los 10°C y por tanto una mayor movilización de energía para el mantenimiento. En Colombia, las variaciones en temperatura y el aumento en la frecuencia de presentación de “heladas” en las zonas de trópico alto (mayor a 1800 m.s.n.m) disminuyen la oferta de forraje y consecuentemente las reservas energéticas que se destinan para producción. Algunos estudios han reportado variaciones en la producción y composición de la leche en condiciones de estrés por calor, no obstante, el objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de temperaturas mínimas entre los -0.12 y 20.87°C sobre la producción y calidad de la leche en vacas de raza Ayrshire. 10300 datos de producción de leche (PL), grasa (PG) y proteína (PP) registrados durante los años 2014 y 2015 de propiedad del PNMGB (Programa Nacional de Mejoramiento Genético Bovino) ubicados en trópico alto, fueron analizados junto a información climática de las estaciones meteorológicas (IDEAM) circunvecinas a los hatos. La temperatura se dividió en dos clases T_{min1}: ≤ 8°C y T_{min2} > 8°C. Las variables dependientes (PL, PG, PP) fueron analizadas mediante un modelo lineal generalizado, que consideró el efecto lineal y cuadrático de los días en leche, el efecto fijo de finca anidado dentro del municipio, el número de partos, T_{min1} y T_{min2}. La PL, PG y PP disminuyeron (P<0.05) en 1.193 l/d, 30.24 g/d y 23.47 g/d, respectivamente,

cuando se presentó T_{min1}. Esto sugiere la necesidad de implementar medidas de manejo que mitiguen el efecto de las temperaturas mínimas, toda vez que se evidencia un efecto en la producción y calidad de la leche, situación que ocasiona una pérdida en las ganancias a los productores y la estacionalidad de la producción.

Palabras clave: estrés por frío, cambio climático, ganado lechero.

Agradecimientos

Proyecto “Influencia de los fenómenos climáticos sobre la producción y calidad composicional de la leche en sistemas de producción lechera en Colombia” financiado por el programa nacional de mejoramiento genético – PNMGB y Universidad de La Salle, Colombia.



The effects of low temperature on milk yield and quality composition of Ayrshire cows from Colombia

Keywords: cold stress, climate change, dairy cattle.

Abstract

Climatic variations deriving from climate change affect the efficiency of the dairy systems around the world. Every year, the reported losses in the system of bovine production rise up to \$2,36 thousand millions of dollars, from which 60% occurs in the milk production systems. Estimations made for the NRC (1996) showed a rising in the consumption of approximately 0.4 lb when a falling in the temperature proximal to 10°C occurs and thus a bigger energy mobilization for the maintenance. In Colombia, the variations in temperature and the increase in the frequency of "frost" in the high tropics decreased the supply of forage and consequently the energy reserves that are destined for production. Some studies have reported variations in the production and composition of milk under conditions of heat stress, however, the objective of this study was to evaluate the effect of the minimum temperatures between -0.12 and 20.87 ° C on the production and quality of milk in Ayrshire cows. 10300 data on milk production (PL), fat (PG) and protein (PP) recorded during the years 2014 and 2015 owned by the PNMGB (National Bovine Breeding Program) located in the high tropics, were analyzed together with climatic information from the meteorological stations (IDEAM) surrounding the herds. The temperature was divided into two classes Tmin1: ≤ 8 ° C and Tmin2> 8 ° C. The dependent variables (PL, PG, PP) were analyzed using a generalized linear model, which considered the linear and quadratic effect of the days in milk, the fixed effect of the farm nested within the municipality, the number of births, Tmin1 and Tmin2. The PL, PG and PP decreased (P <0.05) in 1.193 l / d, 30.24 g / d and 23.47 g / d, respectively, when Tmin1 was presented. This suggests the need to implement management measures that mitigate the effect of minimum temperatures, since there is evidence of an effect on the production and quality of milk, a situation that causes a loss in profits to producers and the seasonality of the production.

Efecto del estrés calórico sobre la producción y calidad de leche en vacas Ayrshire de Colombia

Juan David Corrales Alvarez*¹, Johana Ramírez Díaz², Ruth Rodríguez Andrade¹.

¹jdcorrales@unisalle.edu.co, ²jhanaun@gmail.com, ³ruthrodriguez@unisalle.edu.co

Resumen

Los bovinos de leche son animales del tipo homeotermo lo que se traduce en la necesidad de intercambiar la temperatura corporal con el medio ambiente de manera eficiente. Entre los factores que afectan dicho intercambio se encuentran la radiación, la humedad relativa, la velocidad y la temperatura del aire. El estrés calórico es definido como la condición que ocurre cuando un animal no puede disipar una adecuada cantidad de calor causando bajos rendimientos de la producción, reducción de síntesis de grasa en la glándula mamaria, susceptibilidad a enfermedades y disminución de los porcentajes de grasa, sólidos no grasos, proteína, caseína y contenido de lactosa, así mismo, algunos autores indican que se ocasionan desbalances hormonales de estrógenos, progesterona y oxitocina entre otras. El índice de temperatura humedad (ITH) combina el efecto de la temperatura y la humedad y es considerado un índice bioclimático para estudiar el estrés por calor. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto del estrés calórico sobre la producción y calidad de la leche en vacas Ayrshire en Colombia, para lo cual fueron empleados 10300 datos de producción de leche (PL), grasa (PG) y proteína (PP) registrados durante los años 2014 y 2015 de propiedad del PNMGB fueron analizados junto a información climática de las estaciones meteorológicas (IDEAM) circunvecinas a los hatos. El índice de temperatura humedad fue calculado a partir de la fórmula

$$THI = (1.8 \times T_{\max} + 32) - (0.55 - 0.0055 \times RH_{\min}) \times (1.8 \times T_{\max} - 26)$$

, posteriormente, se utilizó un modelo lineal generalizado teniendo en cuenta PL, PG y PP como variables dependientes, la regresión lineal y cuadrática de los días en leche, los efectos fijos de hato anidado dentro del municipio, número de parto y el THI subdividido en zona termo-neutral ($ITH \leq 72$) y estrés calórico ($ITH > 72$). Se

encontró un efecto ($p < 0.05$) negativo del estrés calórico sobre la PL (-0.89 litros/d), PG (-22.35g/d) y PP (-21.12g/d) con respecto a los animales que se encontraban en la zona termoneutral. En conclusión, el estrés calórico produce una disminución en los parámetros productivos de producción y calidad de la leche lo cual puede afectar negativamente la rentabilidad de los hatos.

Palabras clave: Adaptación, cambio climático, ganado lechero.

Agradecimientos

Proyecto “Influencia de los fenómenos climáticos sobre la producción y calidad composicional de la leche en sistemas de producción lechera en Colombia” recursos del Programa Nacional de Mejoramiento Genético Bovino – PNMGB y Universidad de La Salle, Colombia. ¹Programa de Zootecnia, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de La Salle, Bogotá, Colombia. ²Union Nacional de Asociaciones Ganaderas Colombianas - UNAGA, Colombia.

Effect of heat stress on milk yield and quality composition of Ayrshire cows from Colombia

Abstract

Milk cattle are animals of the homeothermic type, which translates into the need to exchange body temperature with the environment efficiently. Among the factors that affect this exchange are radiation, relative humidity, speed and temperature of air. Caloric stress is defined as the characteristic that occurs when an animal cannot dissipate an adequate amount of calories that causes low yields of production, reduction of fat synthesis in the mammary gland, susceptibility to diseases and decrease of the percentages of fat, non-fat solids, protein, casein and lactose content, likewise, some authors indicate that hormonal imbalances of estrogen, progesterone and oxytocin are caused among others. The humidity temperature index (ITH) combines the effect of temperature and humidity and is considered a bioclimatic index to study heat stress. The objective of this study was to evaluate the effect of caloric stress on the production and quality of milk in Ayrshire cows in Colombia, for which 10300 data of milk production (PL), fat (PG) and protein (PP) were used, registered during the years 2014 and 2015 and owned by the PNMGB. They were analyzed together with climatic information of the meteorological stations (IDEAM) surrounding the herds. The humidity temperature index was calculated from the formula, later, a generalized linear model was used taking into account PL, PG and PP as dependent variables, the linear and quadratic regression of the days in milk, the fixed effects of the nested herd within the municipality, number of delivery and the THI subdivided into thermoneutral zone ($ITH \leq 72$) and caloric stress ($ITH > 72$). A negative effect ($p < 0.05$) of the caloric stress was found on the PL (-0.89 liters / d), PG (-22.35g / d) and PP (-21.12g / d) with respect to the animals that were in the thermoneutral zone. In conclusion heat stress causes a decrease in the productive parameters of production and quality of the milk which may negatively affect the profits.

Keywords: Adaptation, climate change, dairy cattle.

Efecto del Índice de temperatura humedad como criterio de adaptación de vacas Jersey de Colombia

Juan David Corrales Alvarez*¹, Johana Ramírez Díaz², Alexander Navas Panadero¹.

¹Programa de Zootecnia, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de La Salle, Bogotá, Colombia.

²Programa Nacional de Mejoramiento Genético Bovino - PNMGB, Colombia. jdcorrales@unisalle.edu.co, jhanaun@gmail.com, anavas@unisalle.edu.co

Resumen

El cambio climático ha causado un incremento de las temperaturas en zonas tropicales, ocasionando afectaciones en el confort de los animales, la producción y la calidad composicional de la leche, no obstante, algunas razas puras o cruzadas presentan variaciones menos acentuadas en la cantidad y calidad de leche producida. Actualmente se han establecido herramientas que permitan evaluar el estrés de los animales asociando el efecto de la temperatura y la humedad (índice temperatura-humedad THI). El objetivo de este estudio fue estimar THI y evaluar su efecto sobre la producción y calidad composicional de la leche de vacas Jersey en diferentes regiones colombianas. Se analizaron un total de 3.202 registros de producción de leche, grasa, proteína y sólidos totales en la leche en el año 2016 de 824 vacas provenientes de 11 hatos lecheros de Colombia pertenecientes al PNMGB, los datos de temperatura se obtuvieron del Instituto de Hidrología, Meteorología y Estudios Ambientales de Colombia (IDEAM) de estaciones cercanas a los hatos en producción; El índice de temperatura humedad fue calculado a partir de la fórmula

$$THI = (1.8 \times T_{\max} + 32) - (0.55 - 0.0055 \times RH_{\min}) \times (1.8 \times T_{\max} - 26)$$

, el índice se clasificó como zona termo-neutral ($ITH \leq 72$) o estrés calórico ($ITH > 72$). Los datos de producción de leche, grasa, proteína y sólidos totales como variables dependientes fueron analizados utilizando un modelo lineal generalizado con los efectos de regresión lineal y cuadrático de días en leche, número de parto, el efecto de hato dentro de municipio, mes de control y la clasificación de ITH (con estrés o sin estrés calórico) utilizando el software R-project 3.4.3. Como resultado no se encontró un efecto

significativo del THI sobre la producción de leche, grasa, proteína y sólidos totales en la raza Jersey. En conclusión, los resultados sugieren que podría existir adaptación de los animales estudiados a condiciones de variación climática, no obstante, se recomiendan estudios más profundos que permitan llegar a una conclusión más precisa.

Palabras clave: Adaptación, cambio climático, ganado lechero.

Agradecimientos

Proyecto “Influencia de los fenómenos climáticos sobre la producción y calidad composicional de la leche en sistemas de producción lechera en Colombia” financiado por el programa nacional de mejoramiento genético – PNMGB y Universidad de La Salle, Colombia.



Effect of Humidity Temperature Index as an adaptation criterion in Jersey cows from Colombia

Abstract

The climate change has caused an increase of the temperatures in the tropical zones, causing changes in the comfort of animals, the production and compositional quality of milk. However, some pure and mixed breeds present less strong variations in the amount and quality of the milk. Currently some tools have been established to assess the stress of animals by associating the effect of temperature and humidity (temperature-humidity index THI). The objective of this study was to estimate THI and evaluate its effect on the production and compositional quality of milk from Jersey cows in different regions of Colombia. A total of 3,202 milk, fat, protein and total solids production records in milk were analyzed in 2016 from 824 cows from 11 Colombian dairy herds belonging to the PNMGB. Temperature data were obtained from the Institute of Hydrology, Meteorology and Environmental Studies of Colombia (IDEAM) from stations surrounding to the herds in production; the humidity temperature index was calculated from the formula, the index was classified as a thermo-neutral zone ($ITH \leq 72$) or caloric stress ($ITH > 72$). The milk, fat, protein and total solids production data as dependent variables were analyzed using a generalized linear model with the effects of linear and quadratic regression of days in milk, number of parturition, the herd effect within municipality, month of control and classification of ITH (with or without caloric stress) using the R-project software 3.4.3. As a result, no significant effect of THI on milk, fat, protein and total solids production in the Jersey breed was found. In conclusion, the results suggest that there could be adaptation of the studied animals to conditions of climatic variation, however, deeper studies are recommended to reach a more precise conclusion.

Keywords: Adaptation, climate change, dairy cattle.

Comparación de modelos para evaluación genética de peso al destete en la raza Blanco Orejinegro

¹Naranjo Guerrero, L.F., ¹Londoño Gil, M.,
¹López Herrera, A., ¹González Herrera, L.G.

¹Grupo de investigación en Biodiversidad y Genética Molecular (BIOGEM). Departamento de Producción Animal. Universidad Nacional de Colombia sede Medellín. Calle 59 A N 63-20 Medellín, Colombia. Teléfono (+57 4) 4309058. Autores para correspondencia e-mail:

fnaranjo@unal.edu.co; luggonzalezhe@unal.edu.co;
malondonogi@unal.edu.co; alherrera@una.edu.co

Resumen

La evaluación genética permite identificar animales con mérito genético superior para una determinada característica. Entre tanto, es importante reconocer el modelo más apropiado para ese fin, de manera que las estimativas sean confiables. Pocos estudios se han hecho para determinar el potencial genético del Blanco Orejinegro (BON) para establecer programas de mejora genética; para peso al destete (PD), medida que evalúa la habilidad materna y la capacidad propia de desarrollo del ternero. El objetivo del trabajo fue comparar cinco modelos matemáticos en la evaluación genética para PD en ganado BON. Se utilizaron datos históricos de 461 y 216 animales con información genealógica y de PD respectivamente, criados en la Hacienda Bohemia (Virginia-Risaralda). Se corrieron 5 modelos con los efectos aleatorios del animal y del error. Los demás efectos incluidos por modelo fueron **1**). Efecto fijo de Grupo contemporáneo (GC), compuesto por Año de nacimiento (AN) y sexo; **2**). Efectos fijos GC y orden de parto (OP); **3**). Efectos fijos GC, OP y efecto aleatorio materno (con covarianza entre efecto materno y directo diferente de cero); **4**). Efectos fijos GC, OP y efecto aleatorio materno (con covarianza entre efecto materno y directo igual a cero); **5**). Efectos fijos de AN, sexo y OP. Los modelos se compararon bajo los criterios de bondad de ajuste AIC y BIC, la confiabilidad media de los valores genéticos, las estimativas de heredabilidad (h^2) y sus respectivos errores estándar (e.e.). El modelo con mejor ajuste fue el **1**, con mayor media de confiabilidad de valores genéticos (0,60) y menor e.e. de la h^2 (0,54±0,12). Los valores para confiabilidades de los valores genéticos y h^2 con

sus respectivos e.e. para los demás modelos fueron: **2**). 0,55 y 0,54±0,15; **3**). 0,53 y 1,00±0,37; **4**). 0,52 y 0,51±0,19; **5**). 0,54 y 0,54±0,16. El modelo 3 presentó problemas al momento de separar los componentes de varianza ($h^2= 1$). El modelo 4 presentó menor media de confiabilidad de los valores genéticos y el segundo con mayor e.e. de la h^2 directa. El modelo 1 que involucra el GC permite mejor ajuste de los datos en la evaluación genética para PD en la raza BON.

Palabras clave: Confiabilidad, efecto materno, heredabilidad, productividad, potencial genético.

Agradecimientos

Al Dr. Felipe Buitrago Sanint por proporcionar la información de la Hacienda Bohemia, y a COLCIENCIAS por el apoyo económico para la realización del proyecto código 110177658049 “Conociendo nuestros recursos criollos: análisis genómico y búsqueda de regiones del genoma asociadas a características productivas, reproductivas y de salud en ganado blanco orejinegro (BON)”, que está en curso.



Comparison of models for genetic evaluation of weight to weaning in Blanco Orejinegro breed

Keywords: Reliability, maternal effect, heritability, productivity, genetic potential.

Abstract

The genetic evaluation allows to identify animals with superior genetic merit for a certain characteristic. In the meantime, it is important to recognize the most appropriate model for that purpose, so that the estimates are reliable. Few studies have been done to determine the genetic potential of the Black-and-white (BON) target to establish genetic improvement programs for weaning weight (PD), a measure that evaluates the maternal ability and the own capacity of development of the calf. The objective of the work was to compare five mathematical models in genetic evaluation for PD in BON cattle. Historical data of 461 and 216 animals with genealogical and PD information respectively, reared at the Hacienda Bohemia (Virginia-Risaralda) were used. Five models were run with the random effects of the animal and the error. The other effects included by model were 1). Fixed effect of Contemporary Group (GC), composed of Year of birth (AN) and sex; 2). Fixed effects GC and delivery order (OP); 3). Fixed effects GC, OP and maternal random effect (with covariance between maternal and direct effect different from zero); 4). Fixed effects GC, OP and maternal random effect (with covariance between maternal and direct effect equal to zero); 5). Fixed effects of AN, sex and OP. The models were compared under the goodness-of-fit criteria AIC and BIC, the average reliability of the genetic values, the estimates of heritability (h^2) and their respective standard errors (e.e.). The model with the best fit was 1, with higher average reliability of genetic values (0.60) and lower e.e. of h^2 (0.54 ± 0.12). The values for reliability of the genetic values and h^2 with their respective e.e. for the other models were: 2) .0.55 and 0.54 ± 0.15 ; 3). 0.53 and 1.00 ± 0.37 ; 4). 0.52 and 0.51 ± 0.19 ; 5). 0.54 and 0.54 ± 0.16 . Model 3 presented problems when separating the components of variance ($h^2 = 1$). Model 4 presented a lower mean of reliability of genetic values and was the second with higher e.e. of the direct h^2 . Model 1 involving CG allows for better fit of the data in the genetic evaluation for PD in the BON breed.



Descripción del crecimiento en cerdos en la fase de predestete utilizando el modelo Gompertz

Mario Ibargüen A.¹, Oscar D. Vergara G.¹,
 Carlos Almenteros S.²

¹Grupo de Investigación en Producción Animal Tropical, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia.
 marioc.mvz@hotmail.com

Resumen

En la porcicultura el crecimiento y el desarrollo de los animales es uno de los parámetros a tener en cuenta a la hora de la selección o comercialización; por lo tanto, la evaluación del crecimiento de estos animales en su etapa de lactación, muestran la viabilidad en la producción, por consiguiente el crecimiento y desarrollo satisfactorio durante su lactancia, influyen de manera importante en el crecimiento postdestete. Las principales experiencias sobre las curvas de crecimiento y desarrollo ponderal de los animales empezaron con las investigaciones de Hammond (1932) y de los miembros de la Escuela de Cambridge, prosiguiendo con los trabajos de Brody (1945) y Palsson (1955); estos autores describieron gráficamente el crecimiento de los animales, mediante una curva que presenta en todos los animales comportamiento sigmoide. Este tipo de curva puede ser aplicado al animal como un todo. En los últimos años, las funciones de (co)varianza y los modelos de regresión aleatoria han sido propuestos como alternativa para modelar características que son medidas repetidamente en la vida de los animales; sin embargo, también puede ser importante tener en cuenta, como herramientas auxiliares en la selección de animales, los modelos biológicos para los ajustes de la curva de crecimiento. El objetivo de este estudio es evaluar los parámetros productivos del crecimiento en lechones en etapa predestete a través de la curva de crecimiento del modelo Gompertz. Esta investigación se desarrolló en la granja porcícola de la Universidad de Córdoba donde se tomaron registros del peso del lechón desde que nace hasta que se destetan, evaluándose así efecto del cruce y sexo, crecimiento del lechón y el modelo de crecimiento utilizado. El peso promedio del cerdo

al nacimiento, 7, 14, 21, y destete (28 días) fue de 1.60 ± 0.31 , 2.57 ± 0.48 , 3.92 ± 0.76 , 5.77 ± 0.94 , 8.11 ± 1.00 , el sexo no presentó diferencia estadísticamente significativa. El efecto del grupo genético presentó una influencia altamente significativa, la ganancia diaria de peso varió desde 203 gramos/día, hasta 260 gramos/día.

Palabras clave: Nacimiento, destete, curva de crecimiento.



Description of growth in pigs in pre-weaning phase using the model Gompertz

Abstract

In pig breeding the growth and development of animals is one of the parameters to take into account when selecting or marketing time; therefore, the evaluation of the growth of these animals in their lactation stage, shows the viability in the production, thus the growth and satisfactory development during their lactation, influence in an important way the postweaning growth. The main experiences on the curves of growth and weight development of animals began with the research of Hammond (1932) and members of the Cambridge School, continuing with the works of Brody (1945) and Palsson (1955); these authors graphically described the growth of the animals, by means of a curve that presents sigmoidal behavior in all the animals. This type of curve can be applied to the animal as a whole. In recent years, the functions of (co) variance and random regression models have been proposed as an alternative to model characteristics that are measured repeatedly in the life of animals; however, it may also be important to take into account, as auxiliary tools in the selection of animals, the biological models for the adjustments of the growth curve. The objective of this study is to evaluate the productive parameters of growth in preweaning piglets through the growth curve of the Gompertz model. This research was developed in the pig farm of the University of Córdoba where records were taken of the weight of the piglet from birth to weaning, assessing in this way the effect of crossbreeding and sex, piglet growth and the growth model used. The average weight of the piglet at birth, 7, 14, 21, and weaning (28 days) was 1.60 ± 0.31 , 2.57 ± 0.48 , 3.92 ± 0.76 , 5.77 ± 0.94 , 8.11 ± 1.00 ; sex did not present a statistically significant difference. The effect of the genetic group presented a highly significant influence, the daily gain of weight varied from 203 grams / day, up to 260 grams / day.

Keywords: Birth, weaning, growth curve.

Identificación de variantes alélicas del gen miostatina en cuyes en el Departamento de Nariño

Paula Escobar Zambrano¹; Juan Urbano González²; William Burgos Paz³

¹Investigadora, Zoot. Centro Internacional de Producción Limpia – LOPE- SENA, Pasto, Nariño, Colombia. paula_andrea9001@hotmail.com. ²Investigador, Zoot. Esp. Centro Internacional de Producción Limpia – LOPE- SENA, Pasto, Nariño, Colombia. jfurbano@misena.edu.co. ³Investigador, Zoot. Msc. PhD. Centro de Investigación Tibaitatá de CORPOICA, Km 14 Vía Mosquera, Bogotá, Colombia. wburgos@corpoica.org.co

Resumen

Actualmente, Nariño es el mayor productor y consumidor de cuyes en Colombia, posicionándolo como un producto de gran impacto e influencia de la región, tanto a nivel económico, como en aspectos de seguridad alimentaria. La demanda en el país ha incrementado y se extiende también a otros departamentos como Putumayo, Cauca, Huila y Valle, reflejando la necesidad de incluir metodologías para lograr la especialización en las áreas de nutrición, sanidad, instalaciones y también la evaluación de caracteres de importancia económica como la ganancia de peso, la calidad de carne y productividad en general. Mediante la aplicación de metodologías basadas en la biología molecular se logra explorar la composición genética de los individuos que evidencie fenotipos deseables y representativos de los sistemas de producción de cuyes como la ganancia de peso y calidad de carne. El objetivo de esta investigación fue la identificación de variantes alélicas del gen miostatina (MSTN), ligado a desarrollo muscular y calidad de carne. A partir de la información de secuencias de genoma reportadas para la especie, se identificaron regiones exónicas del gen miostatina. Se analizó una muestra de 118 animales destetos presentes en la Unidad de Producción de Cuyes del SENA de la ciudad de Pasto, procedentes de familias con alta o baja aptitud para crecimiento. A cada individuo se tomó una muestra de sangre para extracción de ADN, se amplificó el fragmento seleccionado vía PCR y mediante secuenciación, se identificó los polimorfismos presentes. Por

medio de análisis de varianza y modelos de regresión lineal, se determinó el aporte del polimorfismo observado sobre las variables de peso al nacimiento, destete, cuatro y ocho semanas. Se evidencia la posibilidad al uso de la detección de polimorfismos previamente reportados para características de importancia económica en esta especie y la necesidad de explorar un mayor número de muestras y nuevos genes para validar aspectos de selección asistida por marcadores como las empleadas en otras especies de interés productivo.

Palabras clave: Genética molecular, selección, variantes alélicas, cuy, *Cavia porcellus*.

Agradecimientos

Al Sistema de Investigación, Desarrollo Tecnológico e Innovación – SENNOVA, por la financiación de esta investigación a través del proyecto “Identificación de genes ligados a producción y ganancia de peso en cuyes (*Cavia porcellus*) para conformar núcleos de selección en el Centro Internacional de Producción Limpia – LOPE”



Identification of allelic variants of the myostatin gene in guinea pigs in the Department of Nariño

Abstract

Currently Nariño is the biggest producer of guinea pigs in Colombia, placing it as a high impact producer in the region, on an economical level and regarding food security. The demand in the country has increased and extended to other departments such as Putumayo, Cauca, Huila and Valle, showing the necessity to include methodologies to specialize in nutrition, sanitary, installs so as the evaluation of economically important characters such as weight gain, meat quality and overall productivity. Through the application of methodologies based on molecular biology, it is possible to explore the genetic composition of individuals that evidences desirable and representative phenotypes of production systems in guinea pigs such as weight gain and meat quality. The objective of this research was the identification of allelic variants of the myostatin gene (MSTN), linked to muscle development and meat quality. From the information of genome sequences reported for the species, exonic regions of the myostatin gene were identified. A sample of 118 weaning animals from the SENA Cuyes Production Unit of the city of Pasto was analyzed, from families with high or low aptitude for growth. Each individual was taken a blood sample for DNA extraction, the selected fragment was amplified via PCR and by sequencing, the present polymorphisms were identified. Through the analysis of variance and linear regression models, the contribution of the polymorphism observed on the weight variables at birth and weaning at four and eight weeks was determined. It is evidenced the possibility to use the detection of polymorphisms previously reported for economically important characteristics in this species; so as the need to explore a greater number of samples and new genes to validate aspects of selection assisted by markers such as those used in other species of productive interest.

Keywords: Molecular genetic, selection, allelic variants, guinea pig, *Cavia porcellus*.



Evaluación de genes asociados a fertilidad en 4 razas porcinas y su expresión diferencial en semen

Suárez Rafael^{1,2}, Rondón-Barragán Iang²

¹Grupo de Investigación en Genética y Biotecnología de la Reproducción. ²Grupo de Investigación en Inmunobiología y Patogénesis. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad del Tolima, Ibagué, Tolima, Colombia. *Dirección para correspondencia: rasuarezm@ut.edu.co

Resumen

Los avances biotecnológicos y moleculares han brindado un apoyo al crecimiento de la industria porcina mediante el mejoramiento genético de los reproductores, por lo cual el objetivo del presente proyecto es evaluar 4 genes asociados a fertilidad en 4 razas porcinas y su expresión diferencial en semen. Se emplearán 16 machos distribuidos en 4 razas porcinas: raza criolla Casco de Mula y Zungo, y dos introducidas Pietran y Landrace belga, 4 individuos por raza, provenientes de núcleos puros. Las muestras seminales serán obtenidas mediante las técnicas de mano enguantada, se realizará un espermograma para cada muestra seminal y se evaluará la cinética espermática mediante sistema computarizado de análisis espermático (CASA, IVOX II®), la concentración espermática se realizara mediante fometría (fotómetro SDM6® minutube), la evaluación de viabilidad espermática (Integridad de la membrana plasmática, integridad del acrosoma) se evaluará mediante la asociación dual de sondas fluorescentes (SYBR-14 / yoduro de propidio IP) mediante citometría de flujo (BDFACSA Aria™), se usarán 4 genes candidatos asociados a calidad seminal: receptor de la prolactina (PRLR), receptor de estrógenos (ESR) gen asociado a la síntesis de la proteína ribosomal (RPL32) y el gen asociado a proteína centriolar en espiral (CCP110). La expresión génica cuantitativa se evaluará a partir la síntesis de DNA mediante el kit de Superscript III First-strand (Invitrogen-USA), y la reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (RT-PCR CFX96™-Bio-Rad) mediante el kit Supermix SYBRGreen® (Bio-Rad). Los resultados de calidad seminal y la cuantificación de la expresión génica serán analizados mediante el paquete estadístico SPSS versión 24, los resultados se

evaluarán mediante el coeficiente de correlación de Pearson y posteriormente mediante ANOVA seguido de comparación múltiple de Tukey, como análisis *pos hoc*. De la misma manera, para las variables no paramétricas se empleará la prueba de Kruskal-Wallis con el test de Dunn como *post hoc*; para todas las pruebas $p < 0,05$ será estadísticamente significativo. En estudios de expresión genética en semen, la técnica qPCR y la citometría de flujo, son herramientas potentes para seleccionar genes de referencia, favoreciendo programas de selección de reproductores con mejores tasas de fertilidad para la industria porcina.

Palabras clave: Marcadores moleculares, genes de referencia, espermatozoide.



Evaluation of genes associated with fertility in four pig breeds and their differential expression in semen

Abstract

Biothechnological and molecular advances have given support to the growth of the pig breeding industry through the genetic improvement of the reproductive animals that is why the main objective of this study is to assess 4 genes associated to fertility in 4 pig breeds and their differential expression in semen. 16 males from 4 breeds will be used: 2 creole breeds, Casco de Mula and Zungo, and two imported breeds Pietran and Belgian Landrace; 4 individuals per breed were used, coming from pure nucleus. The semen samples will be collected through the technique of Gloved hand, a spermogram will be performed for each seminal sample and sperm kinetics will be evaluated by computerized sperm analysis system (CASA, IVOX II®), sperm concentration will be performed by photometry (photometer SDM6® minutube), evaluation of sperm viability (Integrity of the plasma membrane, acrosome integrity) will be evaluated by means of the dual association of fluorescent probes (SYBR-14 / IP propidium iodide) by means of flow cytometry (BDFACSA Aria™), 4 candidate genes associated with seminal quality will be used: prolactin receptor (PRLR), estrogen receptor (ESR) gene associated with the synthesis of ribosomal protein (RPL32) and the gene associated with spiral centriolar protein (CCP110). Quantitative gene expression will be evaluated from DNA synthesis using the Superscript III First-strand kit (Invitrogen-USA), and the real-time polymerase chain reaction (RT-PCR CFX96™ -Bio-Rad) the SYBRGreen® Supermix kit (Bio-Rad). The results of seminal quality and the quantification of the gene expression will be analyzed by means of the statistical package SPSS version 24, the results will be evaluated by means of the Pearson correlation coefficient and later by means of ANOVA followed by multiple comparison of Tukey, as post hoc analysis. In the same way, for the non-parametric variables, the Kruskal-Wallis test will be used with the Dunn test as post hoc; for all tests $p < 0.05$ will be statistically significant. In studies of gene expression in semen, the qPCR technique and flow cytometry are powerful tools for selecting reference genes,

favoring breeding programs with better fertility rates for the pig breeding industry.

Keywords: Molecular markers, reference genes, sperm.