

GMA

**GENÉTICA Y
MEJORAMIENTO
ANIMAL**

**ANIMAL GENETICS
AND BREEDING**

GMA 1

SEXADO MOLECULAR DE DOS ESPECIES DE AVES COMO APORTE PARA ESTUDIAR SU BIOLOGÍA REPRODUCTIVA

Rodríguez M.L.¹, S.D. Salazar¹, I.J. Logioia¹, M.G. Núñez Montellano², V. Massoni³, C. Lanzone^{1,4}, C.I. Miño^{1,4}. ¹Facultad de Ciencias Exactas, Químicas y Naturales, Universidad Nacional de Misiones (UNaM); Misiones, Argentina; ²Instituto de Ecología Regional, CONICET – Universidad Nacional de Tucumán, Tucumán, Argentina; ³Instituto de Ecología, Genética y Evolución, CONICET – Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; ⁴Laboratorio de Genética Evolutiva, Instituto de Biología Subtropical, UNaM – CONICET, Misiones, Argentina. carolinamino@fceqyn.unam.edu.ar

La técnica basada en la amplificación de fragmentos intrónicos de distinto tamaño de genes presentes en los cromosomas sexuales es una alternativa para determinar el sexo de individuos que carecen de dimorfismo sexual secundario aparente o cuando éste se manifiesta transitoriamente en el ciclo vital. El objetivo de este trabajo fue evaluar el uso de esta técnica en *Melanerpes cactorum* (Piciformes: Picidae) y *Tachycineta leucorrhoa* (Passeriformes: Hirundinidae), en las que no se había aplicado antes. Se utilizó ADN extraído de pequeñas cantidades de sangre entera, almacenada por más de cinco años en tampón de lisis a temperatura ambiente. Se incluyeron individuos de sexo conocido como control (cuatro machos y cinco hembras de ambas especies). Se obtuvieron amplicones exitosamente, ajustando las condiciones de reacción y ciclado térmico reportadas en la literatura. En *M. cactorum*, los iniciadores HPR/HPF amplificaron intrones de 500 pb en machos (sexo homogamético, ZZ) y de 500 pb y ca. 320 pb en hembras (sexo heterogamético, ZW); mientras que en *T. leucorrhoa* amplificaron intrones de ca. 320 pb en machos, y 320 pb y ca. 500 pb en hembras. Los iniciadores 2550F/2718R amplificaron intrones de 550 pb en machos y de 350 pb y 550 pb en hembras de ambas especies. Se observó amplificación preferencial de alelos, en especial en *T. leucorrhoa*; si bien ésta no dificultó la asignación molecular del sexo, se recomienda repetir la técnica para evitar falsos negativos en la identificación de hembras. Demostramos que el sexado molecular, sencillo, rápido, fiable y económico, puede apoyar estudios de biología reproductiva en estas especies.

GMA 2

ANÁLISIS DE LA REGIÓN DEL MHC DE CLASE II EN *Camelus dromedarius* UTILIZANDO SECUENCIAS DE GENOMA COMPLETO

Marcuzzi O.¹, F. Calcaterra¹, L.H. Olivera¹, F. Almathen², G. Giovambattista¹, B. Salim². ¹Instituto de Genética Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata – CONICET, Buenos Aires, Argentina; ²Camel Research Centre, King Faisal University, Saudi Arabia. guillermogiovambattista@gmail.com

Los genes de clase II del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC) se consideran loci candidatos para la respuesta inmune y resistencia a enfermedades y han sido ampliamente estudiados en diversas especies animales. El presente estudio tuvo como objetivo investigar la diversidad genética de genes clase II del MHC en camellos (*Camelus dromedarius*). Se identificaron siete genes (*LOC105101414*, *LOC105101437*, *LOC116147669*, *LOC105101412*, *LOC105101413*, *LOC105101409*, *LOC105101410*) en el genoma de referencia mCamDro1.pat. Se descargaron 101 secuencias de genoma completo de repositorios públicos y se alinearon al ensamblado de referencia. Se filtró el exón 2 de cada gen y se analizaron las fases y polimorfismos utilizando el software IGV. La diversidad genética se evaluó mediante la diversidad nucleotídica (π) y se estimaron las sustituciones nucleotídicas no sinónimas (dN) y sinónimas (dS) por sitio. Entre 35 y 44 individuos presentaron cobertura y profundidad suficiente para identificar las variantes. El análisis reveló entre 1 y 12 alelos para los mencionados genes. Todos los genes mostraron una alta frecuencia del alelo presente en el genoma de referencia. Los valores de dS oscilaron entre 0,010 y 0,14, mientras que los de dN variaron entre 0,003 y 0,009. Los valores de π oscilaron entre 0,002 y 0,020. Estos resultados demostrarían niveles más bajos de diversidad genética en *C. dromedarius* en comparación con otros mamíferos. A pesar de la creciente disponibilidad de secuencias de genoma completo, muchas carecen de la calidad necesaria para evaluar regiones complejas y altamente polimórficas como el MHC.

GMA 3

ANÁLISIS PRELIMINAR A UN ESTUDIO DE ASOCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO EN BOVINOS CON TUBERCULOSIS, FALSOS NEGATIVOS A LA PRUEBA INTRADÉRMICA

Encinas M.¹, X. Ferrara Muñiz¹, R.A. Sammarruco², V. Ruiz Menna², C.J. Garro², F. Delgado², M.J. Zumárraga¹, S.G. Garbaccio², H.A. Carignano³, M.E. Eirin¹. ¹Instituto de Agrobiotecnología y Biología Molecular, CONICET - INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; ²Instituto de Patobiología Veterinaria, CONICET-INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina; ³Instituto de Virología e Innovaciones tecnológicas, CONICET-INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina. encinas.micaela@inta.gob.ar

La tuberculosis bovina (TBB) se diagnostica con la intradermorreacción (IDR). Existen animales infectados, falsos negativos (FN) a la IDR, que limitan el control de la enfermedad. Se reportaron variantes genéticas asociadas con la respuesta inmune a la TBB. El objetivo fue realizar el control de calidad de los genotipos de individuos clasificados según su respuesta a la IDR. Se genotificaron 201 bovinos Holando Argentino con TBB (111 IDR+ y 90 IDR-FN) con un panel de SNPs (GGP Bovine 100K, Neogen). Se evaluaron distintos umbrales de exclusión para individuos y SNPs (tasa de asignación <95%, 90% y 80%), frecuencia alélica mínima (MAF; 0,01; 0,05 y 0,1) y equilibrio de Hardy-Weinberg (HWE; $p < 0,05$; 1×10^{-2} – 1×10^{-8}). La estructura poblacional se analizó mediante el análisis multivariante de la matriz de relaciones genéticas (PLINK v1.07, ggplot2 en Rstudio). El desequilibrio de ligamiento (DL) se estimó como r^2 para pares de SNPs a ≤ 1 Mb. Se determinó una tasa de asignación de genotipos de individuos y SNPs <90%, un MAF de 0,01 y un $p < 1 \times 10^{-7}$ de HWE. La matriz final incluyó 184 individuos (100 IDR+, 84 IDR-FN) y 88.351 SNPs. No se observaron agrupamientos distintivos en el análisis de estructura poblacional. El DL fue de 0,15–0,05 a distancias entre SNPs <100 kb, disminuyendo y estabilizándose en ~0,02–0,04 a >500 kb. Se obtuvo un set de datos confiable para el estudio de asociación de genoma completo, el cual permitirá profundizar el conocimiento sobre las bases genéticas asociadas al fenotipo FN a la IDR.

GMA 4

EVALUACIÓN DE LA RESPUESTA GÉNICA EN SALMÓN FRENTE A *Piscirickettsia salmonis* Y DISTINTAS ESTRATEGIAS DE TRANSFERENCIA A MAR

Gonzalez G.^{1,2}, V. Valenzuela³, A. Medina^{1,2}. ¹Centro de investigación Aplicada y Transferencias Tecnológicas en Recursos Marinos Almirante Storni (CIMAS) San Antonio Oeste, Argentina; ²Facultad de Ciencias Marinas, Universidad Nacional del Comahue, San Antonio Oeste, Argentina; ³Centro Interdisciplinario para la Investigación Acuícola (INCAR), Universidad de Concepción, Concepción, Chile. gabrielaagonzalez1@gmail.com

La esmoltificación es un proceso fisiológico clave para *Salmo salar*, permitiéndole adaptarse al agua de mar. Una esmoltificación inadecuada compromete la fisiología del pez, aumentando su susceptibilidad a infecciones. Durante esta etapa, la productividad disminuye significativamente, debido a infecciones como la *Piscirickettsiosis*, causada por *P. salmonis*. Frente a patógenos, los salmones activan mecanismos de inmunidad innata, aumentando la expresión de genes asociados al estrés oxidativo (*SOD* y *CAT*); además, desarrollan una estrategia conocida como inmunidad nutricional, que restringe nutrientes esenciales al patógeno, como el hierro, regulando proteínas transportadoras como ferritina y haptoglobina. El objetivo de este trabajo fue evaluar la expresión génica de *Salmo salar* exponiéndolo a *P. salmonis* bajo dos estrategias de transferencia a agua de mar: cambio gradual de salinidad (CGS) y shock salino (SS). Se midió la expresión relativa de los genes *Ferritina-M*, *Haptoglobina*, *SOD* y *CAT* mediante RT-qPCR antes de la infección y a los 25 días post-infección (dpi), en cuatro grupos experimentales: CGS, SS, CGS25dpi y SS25dpi. Se tomaron tres muestras de riñón anterior por cada tratamiento para conformar pools de ADNc de los grupos analizados. Los resultados mostraron un aumento en la expresión de *Ferritina-M*, *SOD* y *CAT*, y una disminución en la de *Haptoglobina* en CGS25dpi respecto a CGS. Entre SS y SS25dpi no se observaron diferencias significativas en *Ferritina-M* y *SOD*; sin embargo, para *CAT* y *Haptoglobina* SS mostró una mayor expresión. Estos resultados sugieren que la estrategia de esmoltificación modula la respuesta inmunológica, y que realizar un CGS representaría una ventaja inmunológica y mejoraría la supervivencia de los salmónidos.

GMA 5

PREDICCIÓN DEL GENOTIPO HALOTANO EN CARNE DE CERDOS DEL NORESTE ENTRERRIANO MEDIANTE ESPECTROSCOPIA DE INFRARROJO CERCANO (FT-NIR)

Rodríguez V.¹, M.R. Barragán¹, C. Mendoza², M. Díaz Vélez², R. Fabre², M. Lagadari¹. ¹Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos de Entre Ríos, CONICET – Universidad Nacional de Entre Ríos (UNER), Entre Ríos, Argentina; ²Facultad de Ciencias de la Alimentación, UNER, Entre Ríos, Argentina. viviana.rodriguez@uner.edu.ar

Las mutaciones en *RYR1* (gen halotano) afectan negativamente la calidad de la carne porcina, generando carnes pálidas suaves y exudativas y pérdidas económicas significativas. Para abordar este problema, se evaluó la espectrometría FT-NIR como método alternativo rápido y no invasivo, en comparación con técnicas moleculares (PCR-RFLP) y análisis de calidad tradicionales (pH 45 m y 24 h, color, mermas por goteo, descongelación y cocción, marmolado, terneza y humedad), con el objetivo de predecir polimorfismos y optimizar el destino comercial de la carne. Se evaluaron parámetros de calidad y se genotipificaron (PCR-RFLP) 95 animales híbridos de seis meses de edad a la faena. La espectrometría FT-NIR se realizó con un equipo Bruker MPA, obteniéndose 128 espectros por muestra por duplicado. Se analizó el efecto de la mutación sobre los parámetros mediante ANOVA y test LSD. Se desarrollaron y validaron modelos de predicción para los genotipos CC y CT observados utilizando regresión PLS1, validación cruzada k-fold, corrección en base a la distancia de Mahalanobis, cálculo del RMSECV, y se evaluó la precisión con R^2 y RPD. Posteriormente se compararon entre sí. No se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre estimaciones FT-NIR y los datos reales, confirmando la robustez de las estimaciones de los parámetros. Adicionalmente, una red neuronal probabilística logró clasificar los genotipos CC y CT con un 89,17 % de precisión. Los resultados respaldarían el uso de FT-NIR como tecnología para identificar carnes portadoras de la mutación.

GMA 6

VALIDACIÓN DE HRM COMO MÉTODO RÁPIDO Y PRECISO PARA LA DETECCIÓN DE SNPs EN PORCINOS

Cabrera, I., R. Barragan^{1,2}, L. Sosa³, V., Rodríguez^{1,2}, R. Fabre¹, M. Lagadari^{1,2}. ¹Facultad de Ciencias de la Alimentación, Universidad Nacional de Entre Ríos (UNER), Entre Ríos, Argentina; ²Instituto de Ciencia y Tecnología de los Alimentos de Entre Ríos, CONICET – UNER, Entre Ríos, Argentina; ³Facultad de Ciencias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. rodrigomaximilianobarragan@gmail.com

Las técnicas más utilizadas para detectar polimorfismos de un único nucleótido (SNP) son PCR-RFLP y PCR alelo-específica, las cuales resultan costosas y demandan tiempo cuando se trabaja con un gran número de muestras. En este contexto, la técnica de High Resolution Melting (HRM) se presenta como una alternativa eficiente, rápida y de bajo costo para la identificación de variantes genéticas. El objetivo de este trabajo fue estandarizar y optimizar la técnica HRM para detectar el SNP c.-2894G>A (rs345224049) en el gen *PPARGC1A*, asociado a la calidad de carne porcina. Se diseñaron *primers* específicos mediante Primer-BLAST y Ensembl, y se evaluaron distintas condiciones de PCR, ajustando las concentraciones de templado, Taq polimerasa, *primers*, MgCl₂, EvaGreen y dNTPs, junto con diferentes protocolos de qPCR y curvas de disociación en el equipo CFX96 (Bio-Rad). Los datos de fluorescencia fueron analizados mediante un código desarrollado en Python, lo cual permitió mejorar la interpretación de las curvas y la diferenciación de genotipos. Se evaluó la sensibilidad, especificidad y repetibilidad del método, logrando discriminar correctamente los genotipos, que se validaron mediante PCR-RFLP y secuenciación Sanger. En conclusión, este trabajo demuestra que la técnica HRM es una herramienta robusta, rápida, con excelente sensibilidad y especificidad. Su implementación permite analizar grandes volúmenes de muestras, reducir significativamente los costos y los tiempos de procesamiento, y mejorar la resolución en la detección de variantes genéticas.

GMA 7

EFECTO DE LA HETEROSIS Y LA DIFERENCIA ADITIVA ENTRE RAZAS SOBRE LA PRODUCCIÓN LECHERA

Vera M.¹, L. Franco¹, M. Pece¹, E. Salado¹, M. Maciel². ¹EEA Rafaela, INTA, Santa Fe, Argentina; ² Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Litoral, Santa Fe, Argentina. vera.milba@inta.gob.ar

Considerando el incrementado uso de cruzamientos en rodeos lecheros y de la comercialización de semen de razas distintas a la Holando en los últimos años, el objetivo de este trabajo fue estimar el efecto de la diferencia aditiva entre razas (A) y de la heterosis (H) sobre la producción de leche (kg), grasa (g) y proteína (g) en vacas Holando × Jersey (paridas entre 2003 y 2023). Se analizaron 12.600 registros mensuales de las tres primeras lactancias de 519 hembras. Se ajustaron modelos univariados con distribución Gamma mediante el paquete INLA (Integrated Nested Laplace Approximation) en R. Los efectos fijos fueron A o H, número de lactancia, días en leche y año-mes de control. Los efectos aleatorios incluyeron al individuo, modelando la correlación secuencial entre observaciones de una hembra, y el mes-año de parto como efecto independiente. A presentó efectos significativos en las tres variables, mientras que H no resultó significativa. En leche, una mayor proporción de Jersey se asoció negativamente con la producción (-0,081), y una mayor proporción de Holando, positivamente (0,056). Tendencias similares se observaron en grasa (-0,062 y 0,009) y proteína (-0,064 y 0,038). El R² total fue de 64 % en leche, 45 % en grasa y 57 % en proteína. Sin embargo, los R² marginales fueron bajos en grasa y proteína, lo que sugiere que otros factores no genéticos y/o epistáticos podrían estar influyendo. En conclusión, la composición racial tuvo efecto aditivo significativo, siendo relevante para estrategias de utilización de cruzamientos y/o selección genética en rodeos lecheros.