

ESTADO ACTUAL DE LA APLICACIÓN DE TECNOLOGÍA GENÓMICA EN BOVINOS PARA CARNE DE ARGENTINA



CURRENT STATUS OF THE APPLICATION OF GENOMIC TECHNOLOGY IN BEEF CATTLE OF ARGENTINA

Corva, P.M.¹, Pardo, A.M.², Martínez, M.³

¹ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata (UNMDP), Balcarce, Argentina.

² Estación Experimental Agropecuaria Balcarce, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Balcarce, Argentina.

³ Laboratorio de Genética Aplicada, Sociedad Rural Argentina (SRA), Buenos Aires, Argentina.

Corresponding author:

Pablo Corva

pcorva@mdp.edu.ar

 ORCID 0000-0002-0660-3115

Cite this article as:

Corva, P.M., Pardo, A.M., Martínez, M. 2025. ESTADO ACTUAL DE LA APLICACIÓN DE TECNOLOGÍA GENÓMICA EN BOVINOS PARA CARNE DE ARGENTINA. BAG. Journal of Basic and Applied Genetics XXXVI (2).

Received: 03/27/2026

Accepted: 07/10/2026

General Editor: Elsa Camadro

DOI: 10.35407/bag.2025.36.02.04

ISSN online version: 1852-6233

RESUMEN

Este artículo examina la evolución y la situación actual de la tecnología genómica aplicada a bovinos para carne en Argentina. El análisis se organiza en tres áreas de aplicación: identificación racial y parentesco, detección de portadores de variantes genéticas deletéreas y selección asistida por marcadores (SAM) y selección genómica. En identificación y control de parentesco, la transición desde microsatélites hacia paneles de SNP se está consolidando como estándar operativo, mejorando la integridad genealógica y ampliando aplicaciones en certificación racial, trazabilidad y abigeato. Asimismo, se revisa su aplicación en la detección de variantes de herencia mendeliana, lo que permite diagnosticar portadores, orientar apareamientos y reducir el impacto de defectos hereditarios. Finalmente, se revisa la transición desde estrategias de selección basadas en un número reducido de marcadores (SAM) hacia esquemas de predicción genómica. La SAM tuvo una adopción limitada por su baja capacidad para capturar la variación genética de caracteres poligénicos complejos, mientras que la selección genómica se consolidó en las razas líderes cuando confluyeron genotipado de mediana densidad, poblaciones de referencia suficientes y metodologías integradas. A diferencia de la producción lechera, en producción de carne no hay aún evidencia concreta de la ventaja lograda con la selección genómica. La experiencia argentina muestra que la contribución de la genómica ha sido concreta, pero no uniforme entre aplicaciones: constituye una herramienta consolidada para identificación y manejo de variantes deletéreas, mientras que su potencial en selección depende del fortalecimiento de los sistemas de registro, fenotipado/genotipado, validación y articulación institucional que sostienen su uso.

Palabras clave: paneles SNP, control de parentesco, portadores, selección genómica.

ABSTRACT

This article examines the evolution and status of genomic technology applied to beef cattle in Argentina. The review is organized into three areas of application: breed identification and parentage verification, detection of carriers of deleterious genetic variants and marker-assisted selection (MAS) and genomic selection. In breed identification and parentage control, the transition from microsatellites to SNP panels is becoming the standard procedure, improving genealogical integrity and expanding applications such as breed certification, traceability and cattle rustling. The review also addresses the use of genomics for the detection of Mendelian variants, which makes it possible to identify carriers, guide mating decisions and reduce the impact of hereditary defects. Finally, the transition from selection strategies based on a limited number of markers (MAS) to genomic prediction schemes is reviewed. MAS had limited adoption due to its low capacity to capture the genetic variation of complex polygenic traits, whereas genomic selection became established in leading breeds when medium-density genotyping, sufficiently large reference populations, and integrated methodologies converged. Unlike dairy cattle, there is still no clear evidence of the advantage gained with genomic selection in beef cattle. The Argentine experience shows that the contribution of genomics has been effective but not uniform across applications: it constitutes a consolidated tool for parentage confirmation and management of deleterious variants, whereas its potential in selection still depends on strengthening recording systems, phenotyping/genotyping, validation, and institutional coordination supporting its use.

Key words: SNP arrays, parentage verification, carriers, genomic selection.

UN LARGO Y PRODUCTIVO CAMINO

En 2010, a pedido del Editor de JBAG publicamos un artículo de opinión, resumiendo las contribuciones que la tecnología genómica podría hacer a la producción bovina (Corva, 2010). En ese momento, el desarrollo de este campo estaba en auge, pero mayoritariamente todo era expectativas por cumplirse. Los siguientes son algunos de los hitos más significativos en ese proceso.

Siguiendo el impulso del Proyecto del Genoma Humano (1990–2003) (Dong *et al.*, 2021) sucesivamente comenzaron proyectos genómicos para todas las especies domésticas. En 2004 ya había una versión incipiente del genoma bovino, que fue presentado formalmente en 2009 (The Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium *et al.*, 2009). A continuación, comenzó la caracterización de la variabilidad de la especie (The Bovine HapMap Consortium *et al.*, 2009) a través de la identificación de “Single Nucleotide Polymorphisms” (SNP).

Los resultados del proyecto HapMap bovino fueron uno de los insumos principales para crear los microarrays de marcadores de media y alta densidad para distintos análisis genómicos. El primer chip con 54.001 marcadores fue presentado en 2009 (Matukumalli *et al.*, 2009). A su vez, estas plataformas permitieron implementar la selección genómica tal como ya había sido propuesta en forma teórica por Meuwissen *et al.* (2001). El descubrimiento y caracterización de SNPs permitió también construir distintos paneles utilizados en la identificación individual y la determinación de parentesco (Heaton *et al.*, 2002). Progresivamente, se fueron evaluando distintas densidades de marcadores considerando la precisión en la evaluación genómica, la representatividad racial y el costo (Bickhart *et al.*, 2020).

Las primeras evaluaciones genómicas oficiales en ganado lechero se presentaron en enero de 2009 para las razas Holstein y Jersey, y en agosto de 2009 para Pardo Suizo (Wiggans *et al.*, 2011). Menos de diez años después de la implementación de la selección genómica, se evaluaron los efectos de la tecnología en producción de leche, confirmando que se habían alcanzado con creces las metas propuestas (García Ruiz *et al.*, 2016). Entre las razas para carne, Angus de Estados Unidos también presentó las primeras evaluaciones genómicas en 2009 (Retallick–Riley, 2024) y llegó en 2021 al millón de individuos con análisis de ADN.

Ya desde principios del siglo, se intentó capitalizar el conocimiento sobre genes específicos vinculados a diferentes variables productivas que surgía de la búsqueda de QTLs (*Quantitative Trait Loci*) en diferentes paneles de marcadores moleculares (por ejemplo, Van Eenennaam *et al.*, 2007). A nivel local, un buen ejemplo de esta tendencia fue la propuesta de selección para mayor terneza de la carne (IPCVA, 2011). Esta estrategia de Selección Asistida tiene ciertas limitaciones técnicas y por una serie de razones que se discuten más adelante, tuvo muy

limitada adopción por el sector productivo, al punto de que generó cierto descrédito sobre la utilidad de la tecnología. Por eso, Georges *et al.* (2019) argumentaron que la tecnología genómica en producción animal siguió un típico “Ciclo de Gartner”, pasando sucesivamente por las etapas de expectativa elevada, desilusión, consolidación y aplicación eficaz.

En paralelo a las primeras aplicaciones comerciales, continuó el avance del conocimiento sobre la estructura y función del genoma bovino. Desde la primera presentación del genoma bovino, han aparecido sucesivamente nuevas versiones mejorando la cobertura, el ensamblado y la anotación (Bickhart *et al.*, 2020). En este proceso hicieron una contribución imprescindible los avances en la secuenciación de ácidos nucleicos, desde el método de Sanger utilizado para los primeros genomas, a tecnologías de segunda y tercera generación (Giani *et al.*, 2020). Una de las últimas iniciativas es la secuenciación completa (cada cromosoma íntegro, “de Telómero a Telómero” o “T2T”) del mayor número posible de especies de Rumiantes (Kalbfleisch *et al.*, 2024) para fortalecer la investigación en evolución cromosómica y la genómica comparada.

En 2015 se organizó el Consorcio internacional FAANG (*Functional Annotation of Animal Genomes*; The FAANG Consortium *et al.*, 2015) para interpretar sistemáticamente la relación entre genotipo y fenotipo en especies domésticas a través del análisis de la función de los genes o en sus propias palabras, para comprender los procesos que tienen lugar “desde la secuencia hasta la consecuencia”.

Otros proyectos retomaron la caracterización global de la variabilidad de la especie tomando como base la secuenciación genómica completa, como por ejemplo el proyecto “1000 Bull Genomes Project” que presentó sus primeros resultados en 2012 (Hayes and Daetwyler, 2019) y llegó a incluir casi 6.200 genomas con una amplia representatividad racial a través de 10 años. Finalmente, para superar las restricciones que genera el uso de un único genoma de referencia, fue presentado recientemente el proyecto del Pangenoma Bovino (Smith *et al.*, 2023). Todos estos proyectos se basan en un enorme esfuerzo internacional coordinado, con la participación de muchos laboratorios en diferentes países.

En vista de todos estos avances que involucran objetivos cada vez más ambiciosos, es oportuno recapitular qué ha pasado en el área de la genómica bovina en Argentina y cómo se está aprovechando en particular en el sector de la producción de carne, tratando de interpretar cuál ha sido la verdadera contribución de cada una de las aplicaciones.

Siguiendo el mismo esquema del artículo anterior (Corva, 2010) vamos a analizar tres grandes grupos de aplicaciones de la tecnología genómica:

- Identificación individual y racial.
- Detección de variación en genes mayores.

- Selección genómica.

El primer grupo de aplicaciones aprovecha la variabilidad del ADN entre y dentro de poblaciones, para aplicaciones que van desde la determinación de parentesco hasta la resolución de casos de abigeato. En el segundo grupo están las aplicaciones que permiten detectar genes asociados a características mendelianas de herencia simple, desde variantes que codifican para el color del pelaje hasta variantes con distintos grados de severidad que incluso pueden ser letales. Finalmente, el tercer grupo reúne a las aplicaciones vinculadas directamente a la selección cuantitativa, en las que el objetivo principal es que el análisis a nivel del ADN contribuya a una estimación del Valor de Cría (*Breeding Value*) lo más tempranamente posible en la vida del animal y con la mayor precisión.

IDENTIFICACIÓN INDIVIDUAL Y RACIAL

Las evaluaciones genéticas tradicionales basadas en metodologías de la genética cuantitativa han sido muy eficaces en la selección de animales domésticos, pero en gran medida son dependientes de la integridad de la genealogía de los animales evaluados (Pimentel *et al.*, 2024). El control de los registros genealógicos ha evolucionado a través del tiempo de acuerdo con la disponibilidad de diferentes metodologías. Entre 1980 y 2005, en Argentina, se utilizaron los polimorfismos de grupos sanguíneos y proteínas del suero (Stormont, 1967). Su utilidad, sin embargo, estaba limitada a la disponibilidad de reactivos para detectar los antígenos sanguíneos o la limitada diversidad de las variantes proteicas. O sea que la metodología era compleja, diversa y accesible a pocos laboratorios. Además, el empleo de sangre limitaba su aplicación a animales vivos, con un costo incrementado por su extracción, envío y necesidad de inmediato procesamiento. La migración a una tecnología dependiente de ADN, empleando regiones polimórficas conocidas como microsatélites (MS) convirtió el control de ascendencia en una técnica universal, aplicable a todas las razas y no sólo a aquellas para las que existían reactivos apropiados (Glowatzki-Mullis *et al.*, 1995). El empleo de MS incrementó el “poder de exclusión” de la técnica, que es la capacidad de detectar inconsistencias entre un individuo y sus padres declarados. Dado que el poder de exclusión depende del número de marcadores y de su polimorfismo, el panel de MS empleados internacionalmente puede ampliarse para poblaciones con menor diversidad genética.

En 2012 se introdujo otra innovación metodológica con la adopción de SNPs para la verificación de ascendencia (Flanagan y Jones, 2019). A diferencia de la migración previa hacia MS, el cambio a SNPs no estuvo dado por el requerimiento de un mayor poder de exclusión, dado que por ser bi-alélicos, se requería un número

mucho mayor de SNPs para alcanzar la misma eficiencia de un panel de MS. La razón del cambio estuvo asociada al empleo de SNPs en paneles de marcadores para selección genómica (Habier *et al.*, 2009), que se discute en la última sección. A fin de evitar el costo de genotipar a los animales con dos plataformas distintas, se propuso emplear un subconjunto de 100 SNPs incluidos en esos paneles para la verificación de parentesco (ICAR: International Committee for Animal Recording, 2018). Sin embargo, los MS no han sido abandonados completamente, y ambas tecnologías están aún vigentes principalmente a causa de su incompatibilidad y a pesar de los esfuerzos por lograr su inter-conversión (McClure *et al.*, 2012). Es decir que los animales ya analizados por MS deben reanalizarse por SNPs, siguiendo programas de migración destinados a preservar la integridad de sus registros genealógicos (Calafé, 2021).

Los lineamientos que rigen los chequeos de ascendencia, tanto de MS como de SNPs, han sido definidos por la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG, por sus siglas en inglés; www.isag.us/), que periódicamente organiza controles de calidad entre laboratorios para la estandarización de los paneles de marcadores en uso. Así, la ISAG amplió el panel inicial de 9 a 12 MS, aumentado su poder de exclusión. Y el panel inicial de 100 SNPs fue extendido a 200, agregando 100 marcadores que habían sido usados previamente como panel de respaldo para resolver parentescos dudosos. Además, estos 200 marcadores fueron seleccionados por su mayor polimorfismo en razas con participación de la subespecie *Bos indicus* (razas cebuinas), a diferencia de los 100 SNP iniciales más útiles en razas con composición predominante de *Bos taurus*. Alternativamente, algunos centros de análisis emplean paneles más extensos de hasta 800 SNPs, argumentado que menos de 500 marcadores no garantizan la confirmación inequívoca de parentesco (McClure *et al.*, 2015).

En Argentina, la confirmación de parentesco en bovinos de pedigrí está a cargo del Laboratorio de la Sociedad Rural Argentina (LSRA). El porcentaje de animales objetados anualmente por paternidad inconsistente es alrededor de 6–7%, como resultado de errores en la identificación de los animales analizados o en las técnicas de reproducción asistida, cada vez más extendidas (McClure *et al.*, 2018). La resolución de parentescos dudosos u observados se basa en la identificación de padres posibles en la base de datos de animales de cada criador. Para esa búsqueda, una organización independiente, que estandariza los protocolos para el registro e intercambio de genotipos bovinos, ha propuesto un panel de 334 SNPs adicionales (ICAR, 2026). Este Panel de Descubrimiento permite además asignar parentescos en servicios colectivos donde varios toros son empleados simultáneamente.

En la actualidad, las razas Holando, Angus, Hereford, Braford, Brangus, Limousin y Limangus de Argentina

analizan sus reproductores con paneles de 75.000 a 100.000 SNPs, diseñados para los programas de evaluación genómica. Estas razas están migrando la verificación de parentesco de MS a SNPs. En la Figura 1 se observa la evolución del análisis de ambos tipos de marcadores desde 2022 a 2024 (datos de LSRA), indicando la progresiva migración entre técnicas, que revela la creciente implementación de evaluación genómica en los rodeos nacionales.

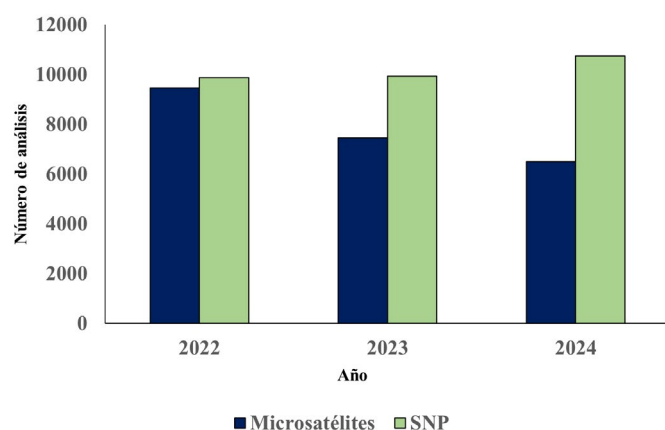


Figura 1. Comparación del número de análisis realizados por la técnica de microsatélites (azul) vs SNPs (verde) para la confirmación de parentesco en el Laboratorio de la Sociedad Rural Argentina, en el periodo 2022-2024.

En el mismo periodo, la cantidad de animales analizados con paneles de 100.000 SNPs (para selección genómica) se ha mantenido aproximadamente constante, en comparación con los análisis de parentesco por SNPs, requeridos para cumplir con la reglamentación de Registros Genealógicos de la Sociedad Rural Argentina (Figura 2).



Figura 2. Evolución del número de análisis realizados empleando el panel de 100.000 marcadores para Selección Genómica (naranja), que incluyen los marcadores de paternidad vs los análisis efectuados por SNPs sólo para paternidad (verde), en el Laboratorio de la Sociedad Rural Argentina.

El análisis de miles de animales de diferentes razas ha permitido establecer para los marcadores analizados las frecuencias alélicas de las poblaciones locales. Una de sus aplicaciones ha sido la identificación racial con fines de certificación (ej. Carnes Certificadas en Angus), resolución de errores en transferencias embrionarias cuando el ternero presenta un fenotipo diferente al esperado para la raza empleada, o su aplicación más extendida: la determinación de proporciones raciales en razas compuestas (Baldo *et al.*, 2010, Blott *et al.*, 1999; Hulsege *et al.*, 2019), entre cuyas aplicaciones se cuenta la corrección aplicada a los programas de evaluación genética en estas razas.

Dado el polimorfismo de los marcadores, la combinación de genotipos en múltiples loci permite identificar individualmente a cada animal, con aplicaciones en programas de certificación, trazabilidad y en la resolución de casos de abigeato (Fernández *et al.*, 2014).

En el contexto argentino, la transición hacia paneles basados en SNP se está consolidando como un estándar operativo para identificación animal y control de parentesco, alineado con recomendaciones internacionales pero condicionado por la estructura local de registros, laboratorios y asociaciones de criadores. Este proceso no solo incrementa la robustez del control genealógico, sino que mejora la integridad de la genealogía, insumo crítico para la calidad de las evaluaciones genéticas y genómicas. Hacia adelante, el mayor desafío no es meramente tecnológico, sino de estandarización e interoperabilidad entre paneles, criterios de control de calidad y flujos de intercambio de genotipos, para capturar completamente el valor de estas herramientas en los rodeos nacionales.

DETECCIÓN DE VARIACIÓN EN GENES MAYORES

Otra aplicación común de la tecnología genómica en producción animal, tal vez la de menor visibilidad, pero muy importante, es la detección de variantes en genes mayores de herencia simple o mendeliana, en contraposición a los genes vinculados a la variabilidad cuantitativa que se consideran en otra sección. En este caso, el aporte de la tecnología es la identificación de individuos portadores, pero de fenotipo normal.

Todas las especies animales llevan cierta proporción de variantes genéticas patológicas, de mayor o menor severidad y comúnmente recesivas, que son transmitidas a través de las generaciones por portadores heterocigotas (un ejemplo se muestra en la Figura S1). Esto es lo que se llama “carga genética” (*genetic load*) (Grossen y Ramakrishnan, 2024). Esta situación es común también en las especies domésticas, y la manifestación de esos fenotipos desfavorables puede verse exacerbada

por procesos como la intensa selección, el uso muy frecuente de ciertos reproductores destacados, la deriva genética en poblaciones pequeñas, la reducción en el tamaño efectivo de la población (N_e) y el incremento de la consanguinidad (ΔF).

La aparición de condiciones genéticas indeseables en el núcleo una población estratificada es preocupante ya que en muchos casos involucra a reproductores destacados y muy influyentes en la raza. En especies domésticas, algunas mutaciones persisten e incluso se hacen muy frecuentes dentro de una raza independientemente de la severidad de sus efectos por acción de los propios criadores, en forma intencional o inadvertida, tal como lo demuestran los tres ejemplos que describen a continuación.

Un caso clásico de defectos genéticos en bovinos para carne es el caso del enanismo (*snorter dwarf*) en Hereford de Estados Unidos (Johnson *et al.*, 1950). La mutación causante aumentó muy rápidamente su frecuencia en los años 1940s y 1950s. Luego se confirmó que se estaba haciendo una selección a favor de los portadores heterocigotas que mostraban el fenotipo “*compress*”, y que tenían entre otras características deseables, rasgos destacados de masculinidad en los toros (Marlowe, 1964). Para 1956, había 50.000 portadores en 47 de los 50 estados (Van Eenennaam, 2014). El análisis de la genealogía permitió seguir el origen de la mutación hasta el toro *St. Louis Lad*, que había nacido en 1899. El trabajo conjunto de la asociación, los criadores y las universidades a través de años permitió virtualmente eliminar a la mutación de la raza mediante estrategias convencionales de selección llegando a descartar ciertas líneas genéticas en su totalidad.

El toro *Pawnee Farm Arlinda Chief*, uno de los padres más influyentes en la historia de la raza Holstein, es el fundador del haplotipo letal HH1, que involucra al gen *APAF1* y que causa muertes embrionarias muy tempranas. *Chief* nació en 1962 y es padre de más de 16.000 hijas; se estima que la transmisión del haplotipo HH1 en la raza a través de los años le costó a la industria láctea U\$S 420 millones (Adams *et al.*, 2016).

En razas continentales europeas es valorado el fenotipo de “doble músculo” causado por mutaciones en el gen de *miostatina* (*MSTN*) que es un represor de la proliferación celular en etapas tempranas del desarrollo. La selección a favor de fenotipos de mayor musculatura llevó a una notable diversificación de variantes en el gen de *miostatina*. Dunner *et al.* (2003) describieron 19 polimorfismos a lo largo del gen, con distinto impacto sobre su función, cuya combinación da origen a 20 haplotipos cada uno con frecuencias características según la raza.

En épocas anteriores a la genómica, la recomendación para evaluar la condición de portador de un reproductor era hacer un cruzamiento de prueba (*test cross*) con sus propias hijas. La probabilidad de ser un portador

del defecto decrece exponencialmente con el número de descendientes sanos (n) producidos en el cruzamiento de prueba ($P = 1 - 1/2^n$). Para reducir la incertidumbre en cuanto a la condición de portadores de una variante genética deletérea que se sabe segrega en una población, se desarrollaron algoritmos como el de Kerr y Kinghorn (1996). Conociendo la frecuencia poblacional de la variante en cuestión y las relaciones de parentesco, puede asignarse un genotipo probable a cada individuo (*MM*, *Mm* o *mm*) (Macor *et al.*, 2013). Con el desarrollo de los tests moleculares que se describen a continuación, estos algoritmos también fueron utilizados para priorizar qué individuos deberían ser analizados para su probable condición de portadores y por su influencia sobre el resto de la población para inferir genotipos a través de relaciones de parentesco.

La disponibilidad de estrategias y herramientas para manejar defectos genéticos en las razas bovinas cambió radicalmente con el desarrollo de tecnologías genómicas, evolucionando mucho a través del tiempo. Los primeros intentos utilizaron mapas de microsátélites para detectar ligamiento con la mutación causal con muy baja capacidad de resolución (por ejemplo, para el posicionamiento del locus de sindactilia o “pie de mula” en un intervalo del cromosoma 15; Charlier *et al.* 1996).

Los resultados de Charlier *et al.* (2008) son probablemente los primeros en presentar una estrategia para identificar este tipo de mutaciones con la ayuda de paneles de marcadores SNP de media/alta densidad. En particular, aplicaron una Estrategia de estudios de asociación (GWAS) con diseño caso/control. De esta forma, pudieron mapear cinco condiciones genéticas en tres razas bovinas, identificando el gen en cuestión y la mutación causal para tres de ellas.

Otra alternativa para la identificación de genes con variantes letales con la ayuda de marcadores moleculares que ha resultado eficaz es la búsqueda de regiones genómicas que nunca aparecen como homocigotas en una muestra grande y representativa de la población (VanRaden *et al.*, 2011).

Gracias al gran avance de las tecnologías de secuenciación de ácidos nucleicos (Giani *et al.*, 2020), la identificación de variantes relevantes se realiza cada vez con mayor frecuencia mediante secuenciación del genoma completo (Jacinto *et al.* 2025). Esto evita la necesidad de diseños experimentales más complejos. En términos generales, el genoma de animales afectados se contrasta con el genoma bovino de referencia y las variantes detectadas se priorizan según su posible impacto funcional y severidad, utilizando herramientas de anotación como VEP (*Ensembl Variant Effect Predictor*; McLaren *et al.*, 2016). Finalmente, se seleccionan candidatos plausibles en función de su relación biológica con el fenotipo de interés. Recientemente se propuso un formato estandarizado (“*Animal Variant Classification Guidelines*”, AVCG) para clasificar la severidad de variantes genéticas

en animales domésticos en cinco niveles de patogenicidad en base a distintas fuentes de información, tomando como referencia el trabajo previo hecho en humanos (Boeykens *et al.*, 2024).

Una vez identificada la mutación subyacente a un fenotipo mendeliano, puede desarrollarse un *test* de detección con relativa facilidad, dado que existe una amplia variedad de opciones analíticas que difieren en complejidad, costo y equipamiento requerido (Kockum *et al.*, 2023). Por ello, laboratorios de distinta escala que se inician en la genómica animal suelen comenzar su actividad ofreciendo servicios de diagnóstico para este tipo de condiciones.

Dada la relevancia y la ubiquidad de los defectos genéticos en animales domésticos, se organizó la base de datos OMIA (*Online Mendelian Inheritance in Animals*) (Tammen *et al.*, 2024) por iniciativa del profesor Frank Nicholas de la Universidad de Sydney, Australia en 1980 (incluso antes que existiera la Internet). Todas las entradas de OMIA son curadas manualmente por especialistas. A diciembre de 2025, OMIA reunía información de 738 fenotipos del bovino, de los cuales se conocía al menos una variante genética causal en 220 de ellos. OMIA es el lugar obligado de búsqueda cuando se sospecha que un fenotipo particular tiene origen genético, con herencia mendeliana. Por ejemplo, “enanismo” en *Bos taurus* tiene 20 registros en OMIA, de los cuales sólo ocho están efectivamente asociados hasta ahora a un gen en particular. El código “000310-9913” corresponde a la condición “*Dwarfism, snorter*” mencionada anteriormente para la raza Hereford.

Ante la existencia de defectos genéticos segregando en las distintas razas, las asociaciones de criadores han debido tomar posición para alertar a sus miembros y determinar pautas de manejo. Por ejemplo, la Asociación Braford Argentina exige desde 2014 el análisis para la Enfermedad de Pompe (acumulación de glucógeno en los lisosomas causada por un defecto del gen α -glucosidasa; Dennis *et al.*, 2000) en toros dadores de semen, hembras donantes de embriones, en crías o embriones de reproductores portadores y en reproductores importados. También la Asociación Argentina de Criadores de Shorthorn (2026) exige el análisis para cuatro condiciones genéticas en semen importado, embriones y animales en pie. La Asociación Argentina de Angus (2017) editó un manual: “Condiciones Genéticas: Síntomas y modo de herencia – Protocolo y regulaciones”. Esta Asociación exige que a partir de 2016 los reproductores, el semen y los embriones a introducir en el país estén libres de siete condiciones genéticas.

Existe una nomenclatura internacional para presentarles en forma clara a los criadores el estatus de un reproductor con relación a una condición genética. Estos códigos aparecen en catálogos y sumarios junto a la evaluación genética del individuo. Por ejemplo, para el caso de la condición “*Arthrogryposis multiplex*” (*Curly Calf syndrome*, OMIA 002135-9913) identificada en Angus los

principales códigos serían AMF: individuo libre del gen defectuoso de acuerdo con el *test* de laboratorio; AMC: individuo “*carrier*” o portador de acuerdo con el *test*; AMP: potencial portador, que no ha sido analizado aún, pero tiene ancestros portadores o afectados; AMFU: animal no analizado, pero considerado libre por información de su genealogía.

Es relevante considerar que distintas asociaciones de criadores pueden tener diferentes criterios en relación a una variante genética en particular. Mientras que Angus de Argentina considera no deseables las variantes del gen de miostatina (asociado al “*doble músculo*”), la raza Limousin considera favorable a una de ellas (F94L; sustitución del aminoácido Fenilalanina por Leucina en la posición 94 de la proteína, SNP rs110065568), ya que favorece el desarrollo muscular pero no tiene efectos tan extremos como otras variantes, por lo que este SNP en particular está en muy alta frecuencia en la raza a nivel mundial (Asociación Argentina de Criadores de Limousin, 2025). En cualquier caso, lo importante es que, contando con el método de detección en el laboratorio, es simple orientar la selección en la dirección deseada. Debe destacarse que estas iniciativas requieren no sólo el conocimiento genómico básico, sino también el trabajo coordinado entre criadores, asociaciones y centros de investigación, lo cual implica un esfuerzo que en la práctica no debe subestimarse.

Si bien *a priori* podría pensarse que la disponibilidad de *tests* de detección expeditivos hace recomendable el descarte de los portadores, se ha propuesto como estrategia más eficaz el manejo dirigido de los apareamientos para evitar la generación de homocigotas, preservando así reproductores potencialmente de alto mérito genético (Georges *et al.*, 2019). Para esto, se cuenta con la ayuda de programas informáticos específicos (Upperman *et al.*, 2019).

En síntesis, ninguna especie doméstica puede evitar la aparición de condiciones genéticas desfavorables, de distinta severidad. Sin embargo, los criadores disponen ahora de una amplia serie de estrategias genómicas e informáticas para hacer un manejo muy eficiente de estos problemas. Detectado un defecto genético en la población, se puede proceder a la toma de muestras de individuos afectados y eventualmente de los correspondientes controles y proceder a la identificación de la variación causal. Este análisis puede acompañarse con el análisis de genealogía y la identificación de los fundadores. Con la información molecular, se puede diseñar un *test* genético expeditivo para poner a disposición de los criadores en colaboración con uno o más laboratorios. Argentina no ha hecho aún contribuciones al descubrimiento de condiciones genéticas destacadas, pero los criadores son conscientes de su importancia y se han sumado a las iniciativas internacionales de las razas más difundidas para su manejo y control.

SELECCIÓN GENÓMICA

En esta sección se revisan las aplicaciones de la tecnología genómica vinculadas directamente con la selección cuantitativa en bovinos para carne, desde las primeras estrategias de selección asistida por marcadores (SAM) hasta la selección genómica (SG) integrada en programas de evaluación genética. A diferencia de la identificación individual o del diagnóstico de variantes mendelianas, estas aplicaciones buscan mejorar la predicción del mérito genético para caracteres complejos, generalmente determinados por muchos loci de pequeño efecto y condicionados por la disponibilidad de registros fenotípicos, genealogía confiable y poblaciones de referencia adecuadas. En Argentina, este recorrido tuvo una trayectoria similar a la observada internacionalmente: una primera etapa de fuerte expectativa alrededor de marcadores asociados a genes candidatos o QTLs, seguida por una transición hacia enfoques de genoma completo y, más recientemente, por la incorporación de información genómica en evaluaciones oficiales de algunas razas bovinas para carne.

La SAM representó una etapa inicial de transición o articulación entre genética molecular y mejoramiento tradicional o cuantitativo. Su lógica consistía en utilizar un número limitado de marcadores asociados a genes candidatos o regiones QTL para asistir la selección de reproductores. Corva (2010) revisó algunos ejemplos tempranos en bovinos para carne, incluyendo marcadores asociados a grasa intramuscular, terneza y otros caracteres de interés productivo. Sin embargo, la adopción de la SAM a escala productiva fue limitada, tanto en Argentina como en otros países, porque la mayoría de los caracteres económicamente relevantes presentan una arquitectura poligénica, los efectos individuales suelen explicar una fracción muy reducida de la variación genética y las asociaciones detectadas en una población no siempre se transfieren con igual eficacia a otros rodeos, razas o sistemas productivos. Estas limitaciones, sumadas a validaciones independientes poco favorables para algunos tests comerciales tempranos (Van Eenennaam *et al.*, 2007), contribuyeron al desplazamiento de la SAM hacia enfoques basados en información de genoma completo (Brito *et al.*, 2019).

La SG, formalizada a partir del trabajo de Meuwissen *et al.* (2001), no busca identificar y utilizar unos pocos genes causales, sino capturar de manera agregada la señal de miles de marcadores distribuidos a lo largo del genoma. Su implementación permitió estimar valores de cría genómicos (GEBV, de su sigla en inglés), aunque su eficacia continúa dependiendo de factores no exclusivamente moleculares, por ejemplo, tamaño y representatividad de la población de referencia, conectividad genética con los candidatos a selección, calidad de los fenotipos, estructura del programa de evaluación y validación en la población objetivo. Por ello, en bovinos para

carne, y particularmente en Argentina, la discusión relevante no es solo si el genotipado está disponible, sino bajo qué condiciones institucionales, poblacionales y metodológicas la información genómica mejora efectivamente la toma de decisiones de selección.

En términos operativos, la información genómica se incorporó a los programas de evaluación genética mediante distintas estrategias. Los enfoques *multi-step* (dos pasos o etapas) estiman primero un componente genómico, denominados valores genómicos directos o DGV, generalmente a partir de genotipos y pseudo-fenotipos derivados de evaluaciones tradicionales, para luego combinarlo con la información fenotípica y genealógica disponible y producir predicciones comparables con EBV (valores de cría estimados). Aunque estos procedimientos fueron importantes en las primeras etapas de implementación, requieren pasos adicionales de procesamiento y suelen restringir parte del análisis a los animales genotipados (Garrick *et al.*, 2009; Lourenco *et al.*, 2020).

Una alternativa ampliamente adoptada es el enfoque *single-step* (un paso o etapa), que integra simultáneamente fenotipos, genealogía y genotipos dentro de una única evaluación (Legarra *et al.*, 2009; Aguilar *et al.*, 2010). En estos modelos, la información genómica complementa las relaciones esperadas por genealogía y permite que la información de animales genotipados contribuya también a la predicción de animales no genotipados emparentados. Esta propiedad resulta especialmente relevante en poblaciones con genotipado parcial, situación frecuente en bovinos de carne, y explica su adopción en numerosos programas de evaluación genética a nivel internacional (Lourenco *et al.*, 2020).

En Argentina, además del uso de evaluaciones *single-step* en algunas razas, se implementó el enfoque PAR (*Parent Ancestral Regression*) en los programas oficiales de Brangus y Braford. El modelo PAR (Cantet *et al.*, 2022) mantiene una estructura cercana al modelo animal clásico, pero utiliza información genómica para ajustar las contribuciones parentales esperadas y capturar desviaciones asociadas a la transmisión mendeliana realizada. Este enfoque, derivado de la regresión ancestral (Cantet *et al.*, 2017), constituye una particularidad relevante del escenario argentino, ya que permitió incorporar información genómica en evaluaciones nacionales de razas compuestas bajo una arquitectura metodológica diferente a la utilizada en otros programas.

El impacto de la SG ha sido más evidente y cuantificable en ganado lechero que en bovinos para carne. En lechería, la disponibilidad de poblaciones de referencia de gran escala, la amplia utilización de inseminación artificial y la posibilidad de seleccionar toros jóvenes sin esperar pruebas de progenie permitieron reducir marcadamente el intervalo generacional e incrementar la ganancia genética (García-Ruiz *et al.*, 2016). En bovinos para carne, en cambio, muchos caracteres de interés,

especialmente los de crecimiento, pueden registrarse relativamente temprano en el propio animal, mientras que otros rasgos relevantes, como eficiencia alimenticia, fertilidad, adaptación o calidad de producto, son más costosos, tardíos o difíciles de medir. Por ello, el beneficio esperado de la SG no es uniforme, sino dependiente del carácter, la estructura poblacional, la conectividad entre rodeos y el tamaño y representatividad de las poblaciones de referencia.

En Argentina, la implementación de SG en bovinos para carne debe interpretarse en relación con la organización de los programas de evaluación genética, la disponibilidad de registros fenotípicos y genealógicos, la articulación entre asociaciones de criadores y unidades ejecutoras, y la expansión progresiva del genotipado. En ese contexto, las estadísticas de comercialización de semen aportan una referencia complementaria sobre la escala de circulación del germoplasma y la concentración racial del biotipo carnívor. Según datos de CABIA (2025), en 2025 se comercializaron 8.316.167 dosis de semen bovino, de las cuales el 56,9% correspondió al biotipo carnívor (Tabla S1). Dentro del mercado interno de semen de razas carnívoras, Angus, Brangus, Braford y Hereford concentraron en conjunto el 93,7% de las dosis comercializadas (Tabla S2), coincidiendo con las razas que presentan mayor grado relativo de implementación de evaluaciones genómicas oficiales en el país.

Desde el punto de vista operativo, las principales razas bovinas de carne con evaluación genómica oficial en Argentina (Angus, Hereford, Brangus y Braford) utilizan plataformas de genotipado de mediana densidad provistas por la empresa internacional GeneSeek/Neogen, con paneles de aproximadamente 75K a 100K SNPs (Tabla 1). Sin embargo, existen diferencias relevantes en la arquitectura institucional y metodológica de cada programa. Angus y Hereford incorporan información genómica mediante evaluaciones de tipo *single-step*, mientras que Brangus y Braford utilizan enfoques basados en PAR. También difieren las unidades ejecutoras y los circuitos de procesamiento: Angus se evalúa con participación de INTA, Brangus y Braford con participación de la Universidad de Buenos Aires, y Hereford integra información genómica en el marco de la Evaluación Panamericana, con participación de la American Hereford Association y procesos de depuración de datos vinculados a ABRI (*Agricultural Business Research Institute*, Universidad de New England, Australia).

La escala de genotipado también es heterogénea entre razas. En 2025, Angus reportaba aproximadamente 34.000 animales genotipados, mientras que Brangus, Braford y Hereford registraban escalas menores, del orden de 7.500, 3.800 y 2.500 animales genotipados en Argentina, respectivamente (Tabla 1). Estas diferencias son relevantes porque el tamaño y la representatividad de la población genotipada condicionan la precisión esperada de las predicciones, y el ritmo de consolidación

de las poblaciones de referencia nacionales.

En paralelo a las evaluaciones genómicas oficiales, también se expandió la oferta de predicciones comerciales basadas en ADN, generalmente presentadas como *molecular breeding values* (MBV), índices o métricas equivalentes. Estas herramientas persiguen el mismo objetivo general que la SG, anticipar la predicción del mérito genético, pero su utilidad depende de la calibración del servicio, de la población de entrenamiento utilizada y de la relación genética y ambiental con los animales sobre los cuales se aplicará la predicción. La evidencia internacional muestra que los *tests* comerciales modernos pueden aportar información útil, aunque con desempeño variable entre caracteres y poblaciones. Por ejemplo, Arisman *et al.* (2023) evaluaron el *test* GeneMax Advantage en rodeos comerciales Angus de Estados Unidos y reportaron asociaciones significativas, aunque de magnitud baja a moderada, entre puntajes genómicos maternos y desempeño de la progenie. En contraste, Bassiel *et al.* (2025) observaron un comportamiento heterogéneo de un *test* multi-raza en novillos beef × Holstein, con capacidad predictiva para algunos caracteres, pero no para otros.

En Argentina, López Valiente *et al.* (2025) presentaron una validación local preliminar comparando progenie de dos toros Angus con diferencias esperadas en la progenie genómicas (DEPG) contrastantes para peso al nacer y peso al destete, utilizando el servicio Inherit Progress (Andersen *et al.*, 2024). Los resultados mostraron concordancia direccional y magnitudes cercanas a las esperadas, aunque el propio trabajo destaca la necesidad de validaciones más amplias, dado que el análisis se basó en un único par de toros. Este tipo de evidencia resulta valiosa porque permite discutir la utilidad de los servicios genómicos comerciales en condiciones locales, pero también subraya la importancia de evaluar su precisión, sesgo y alcance poblacional antes de generalizar recomendaciones de uso.

Un aspecto particularmente relevante para interpretar el desempeño de servicios genómicos comerciales es la conectividad entre la población utilizada para entrenar o calibrar la predicción y la población objetivo donde esa predicción será aplicada. En bovinos para carne, y en particular en Argentina, los servicios comerciales disponibles suelen apoyarse en bases de datos generadas en otros países, razas o sistemas de producción, por lo que su extrapolación a condiciones locales puede verse afectada por diferencias de composición genética, manejo, ambiente productivo y definición de caracteres. En este contexto, la interacción genotipo por ambiente no debería interpretarse solo como un fenómeno biológico general, sino también como una posible fuente de pérdida de capacidad predictiva cuando el ambiente o sistema de producción de la población objetivo difiere marcadamente del ambiente representado en la población de entrenamiento. Por ello, la validación local de estas

Tabla 1. Estado operativo de las evaluaciones genómicas en Argentina para las principales razas bovinas de carne.

Raza	Laboratorio de genotipado	Densidad de marcadores	Año de implementación	Metodología ¹	# Animales genotipados	Unidad Ejecutora de Evaluación Genética ²
Angus	GeneSeek/Neogen	75K	2019	Single-step	~34000	INTA
Hereford	GeneSeek/Neogen	100K	2015	Single-step	~2500*	ABRI/AHA
Brangus	GeneSeek/Neogen	100K	2020	PAR	~7500	UBA
Braford	GeneSeek/Neogen	100K	2021	PAR	~3800	UBA

Fuente: Información institucional provista por los autores (Asociaciones de criadores / unidades ejecutoras; 2025)

¹Single-step: evaluaciones genómicas integrando fenotipos, genealogía e información genómica en una única evaluación; PAR: regresión ancestral ajustando padres.

²INTA: Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (Unidad de Genética Animal, Instituto de Genética, Castelar); ABRI: Agricultural Business Research Institute (Universidad de New England, Armidale, Australia); AHA: American Hereford Association; UBA: Universidad de Buenos Aires (Grupo de Mejoramiento Animal, Facultad de Agronomía, Buenos Aires)

*Pertenece a la Asociación Argentina de Criadores Hereford; el número efectivo de animales genotipados usados en la Evaluación Panamericana puede ser mayor al integrar otros países.

herramientas debería considerar no solo correlaciones globales entre predicción y desempeño, sino también sesgo de calibración y estabilidad de ranking.

Además de su uso directo en selección, el genotipado masivo genera beneficios complementarios para los programas de mejoramiento. Los mismos paneles utilizados para predicción genómica pueden contribuir a verificar parentesco, corregir genealogías, monitorear variantes deletéreas, estudiar estructura poblacional y fortalecer análisis de asociación o identificación de regiones genómicas de interés. A medida que aumenta el número de animales genotipados, también crece la capacidad para realizar GWAS con mayor poder estadístico, ampliar el inventario de QTLs y seleccionar variantes funcionales potencialmente informativas para la predicción, proceso que se apoya en recursos colaborativos como “Animal QTLdb” y en iniciativas internacionales de secuenciación como el 1000 Bull Genomes Project (Hayes y Daetwyler, 2019; Rowan, 2025). Asimismo, la información genómica permite monitorear diversidad genética, estructura poblacional y consanguinidad realizada, aspectos relevantes para balancear ganancia genética con preservación de variabilidad. En poblaciones pequeñas o con menor escala de genotipado, la integración o el intercambio de información genómica con poblaciones relacionadas puede contribuir a mejorar la precisión de las predicciones y a identificar animales de alto mérito genético con menor riesgo de incremento de consanguinidad (Andonov *et al.*, 2017). En este sentido, la utilidad de la genómica no debe evaluarse únicamente por el incremento inmediato de exactitud en las DEP/GEV, sino también por su contribución a la calidad de los datos, la trazabilidad genética, la validación de variantes y la gestión de la diversidad dentro de los pro-

gramas de evaluación (Rowan, 2023).

En síntesis, la transición desde SAM hacia SG en bovinos para carne muestra que la disponibilidad de marcadores no es suficiente por sí sola para garantizar impacto en selección. En Argentina, las razas líderes ya cuentan con acceso a plataformas de genotipado y con programas oficiales que incorporan información genómica, aunque en escalas y con metodologías diferentes. El desafío central para consolidar su contribución no parece estar en el acceso a la tecnología molecular, sino en fortalecer los sistemas que sostienen la predicción: fenotipado estratégico, genealogías confiables, conectividad entre rodeos, expansión de poblaciones de referencia, validación independiente y gobernanza de datos. Este punto será especialmente relevante para caracteres de difícil medición, costosos o de expresión dependiente del ambiente, como consumo residual del alimento (RFI, por sus siglas en inglés), emisiones de gases de efecto invernadero, adaptación, sanidad y resistencia a enfermedades o parásitos. En el contexto nacional, la incorporación incipiente de nuevas tecnologías y protocolos de fenotipado, por ejemplo, mediciones asociadas a emisiones de metano en sistemas de evaluación de RFI, o registros de resistencia a garrapata en razas adaptadas al norte argentino, podría ampliar el campo de aplicación de la SG, siempre que esos registros se integren en bases de datos suficientemente estructuradas y conectadas. En este marco, tecnologías emergentes como la secuenciación de baja cobertura combinada con imputación podrían aumentar la densidad informativa y reducir costos, pero su impacto dependerá nuevamente de su integración efectiva en programas de evaluación genética robustos y representativos de las condiciones locales.

BIBLIOGRAFÍA

- Adams H. A., Sonstegard T. S., VanRaden P. M., Null D. J., VanTassell C. P., Larkin D. M., Lewin H. A. (2016) Identification of a nonsense mutation in APAF1 that is likely causal for a decrease in reproductive efficiency in Holstein dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 99: 6693–6701.
- Aguilar, I., Misztal, I., Johnson, D. L., Legarra, A., Tsuruta, S., Lawlor, T. J. (2010) Hot topic: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *J. Dairy Sci.* 93(2): 743–752.
- Andersen K., Short T., Di Croce F., Romero D., Wijma R., Moro Menendez J. (2024) Inherit® Progress de Zoetis para el Cono Sur. Informe técnico - Características del producto. Boletín Técnico, Zoetis Genetics, Kalamazoo, Michigan, USA; 13 pp.
- Andonov S., Lourenco D. A. L., Fragomeni B. O., Masuda Y., Pocrnic I., Tsuruta S., Misztal I. (2017) Accuracy of breeding values in small genotyped populations using different sources of external information—A simulation study. *J. Dairy Sci.* 100(1): 395–401.
- Arisman Brian. C., Rowan T. N., Thomas J. M., Durbin H. J., Lamberson W. R., Patterson D. J., Decker J. E. (2023) Evaluation of Zoetis GeneMax Advantage genomic predictions in commercial Bos taurus Angus cattle. *Livest. Sci.* 274: 105266.
- Asociación Argentina de Angus (2017) Condiciones Genéticas: Síntomas y modo de herencia – Protocolo y regulaciones. Buenos Aires; 36 pp. <https://www.angus.org.ar/docs/Cuadernillo-Defectos-Geneticos-2017.pdf> (acceso diciembre 2025).
- Asociación Argentina de Criadores de Limousin (2025). <https://limousin.org.ar/la-raza/> (acceso diciembre 2025).
- Asociación Argentina de Criadores de Shorthorn (2026) ADN por SNP y Condiciones Genéticas Shorthorn. <https://www.sra.ar/document/download/3580> (acceso marzo 2026).
- Baldo A., Rogberg-Muñoz A., Prando A., Mello Cesar A. S., Lirón J.P., Sorraín N., Ramelli P., Posik D. M., Pofcher E., Ripoli M.V., Beretta E., Peral-García P., Vaca R., Mariani P., Giovambattista G. (2010) Effect of consanguinity on Argentinean Angus beef DNA traceability. *Meat Sci.* 85(4): 671–5.
- Basiel B. L., Felix T. L., Dechow C. D. (2025) Predictive ability of a commercial mixed-breed genomic test for feedlot performance and carcass traits of beef × Holstein steers. *J. Anim. Sci.* 103: skaf053.
- Bickhart D.M., McClure J.C., Schnabel R.D., Rosen B.D., Medrano J.F., Smith T.P.L. (2020) Symposium review: Advances in sequencing technology herald a new frontier in cattle genomics and genome-enabled selection. *J. Dairy Sci.* 103: 5278–5290.
- Blott S., Williams, J., Haley, C. (1999) Discriminating among cattle breeds using genetic markers. *Heredity* 82: 613–619.
- Boeykens F., Abitbol M., Anderson H., Casselman J., de Citres C.D., Hayward J.J., Häggström J., Kittleson M.D., Lepri E., Ljungvall I., Longeri M., Lyons L.A., Ohlsson Å., Peelman L., Smets P., Vezzosi T., van Steenbeek F.G., Broeckx B.J.G. (2024) Development and validation of animal variant classification guidelines to objectively evaluate genetic variant pathogenicity in domestic animals. *Front. Vet. Sci.* 11:1497817.
- Brito L. F., Oliveira H. R., Silva F. F., Schenkel F. S. (2019) Developments in genomic predictions in dairy cattle breeding: A historical overview of methods, technologies, and applications. In: J. van der Werf y J. Pryce (Ed.) *Advances in breeding of dairy cattle*. Burleigh Dodds Science Publishing, pp. 357–382.
- CABIA (2025) Estadísticas del mercado de semen bovino de la argentina. Cámara Argentina de Biotecnología de la Reproducción e Inseminación Artificial. <https://cabia.org.ar/estadisticas> (acceso marzo 2026).
- Calafé M. (2021) Plan de migración AACH: “Migrando hacia el futuro”. *Revista Hereford* 679: 12–23.
- Cantet R. J. C., García-Baccino C. A., Rogberg-Muñoz A., Forneris N. S., Munilla S. (2017) Beyond genomic selection: The animal model strikes back (one generation)! *J. Anim. Breed. Genet.* 134(3): 224–231.
- Cantet, R. J., Angarita-Barajas, B. K., Forneris, N. S., Munilla, S. (2022) Causal inference for the covariance between breeding values under identity disequilibrium. *Genet. Sel. Evol.* 54(1): 64.
- Charlier C., Coppieters W., Rollin F., Desmecht D., Agerholm J.S., Cambisano N., Carta E., Dardano S., Dive M., Fasquelle C., Frennet J.C., Hanset R., Hubin X., Jorgensen C., Karim L., Kent M., Harvey K., Pearce B.R., Simon P., Tama N., Nie H., Vandeputte S., Lien S., Longeri M., Fredholm M., Harvey R.J., Georges M. (2008) Highly effective SNP-based association mapping and management of recessive defects in livestock. *Nat. Genet.* 40: 449–454.
- Corva P.M. (2010) Genómica Bovina: Dónde estamos. Hacia dónde vamos. *J. Basic Appl. Genet.* 21: 1–7.
- Dennis J., Moran C., Healy, P. (2000) The bovine α -glucosidase gene: coding region, genomic structure, and mutations that cause bovine generalized glycogenosis. *Mamm. Genome* 11: 206–212.
- Dong W., Qiang B., Yang H. (2021) The international Human Genome Project: A milestone for life sciences and humanity—The three stages and three major impacts of the HGP, and three contributions by China. *Quant. Biol.* 9: 229–241.
- Flanagan S.P., Jones A. G. (2019) The Future of Parentage Analysis: From Microsatellites to SNPs and Beyond. *Molecular Ecology* 28: 544–567.
- Dunner S., Miranda M.E., Amigues Y., Cañón J., Georges M., Hanset R., Williams J., Ménéssier F. (2003) Haplotype diversity of the myostatin gene among beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* 35: 103.
- Fernández M.E., Rogberg-Muñoz A., Lirón J.P., Goszczynski D.E., Ripoli M.V., Carino M.H., Peral-García P., Giovambattista G. (2014) Effectiveness of Single-Nucleotide Polymorphisms to investigate cattle rustling. *J. Forensic Sci.* 59: 1607–1613.
- García-Ruiz A., Cole J.B., P.M., VanRaden G.R., Wiggans F.J., Ruiz-López F.J., Van Tassell C.P. (2016) Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 113: E3995–E4004.
- Garrick D. J., Taylor J. F., Fernando R. L. (2009) Deregressing estimated breeding values and weighting information for genomic regression analyses. *Genet. Sel. Evol.* 41(1): 55.
- Georges M., Charlier C., Hayes B. (2019) Harnessing genomic information for livestock improvement. *Nat. Rev. Genet.* 20: 135–156.
- Giani A.M., Gallo G.R., Gianfranceschi L., Formenti G. (2020) Long walk to genomics: History and current approaches to genome sequencing and assembly. *Comput. Struct. Biotechnol. J.* 18: 9–19.
- Glowatzki-Mullis M.L., Gaillard C., Wigger G., Fries R. (1995) Microsatellite-based parentage control in cattle. *Anim Genet.* 26(1): 7–12.
- Grossen C., Ramakrishnan U. (2024) Genetic load. *Curr. Biol.* 34: R1216–R1220.
- Habier D., Fernando R.L., Dekkers J.C. (2009) Genomic selection using low-density marker panels. *Genetics* 182(1): 343–53.
- Hayes B.J., Daetwyler H.D. (2019) 1000 Bull genomes project to map simple and complex genetic traits in cattle: Applications and Outcomes. *Annu. Rev. Anim. Biosci.* 7:89–102.
- Heaton M. P., Harhay G. P., Bennett, G. L., Stone R. T., Grosse W. M., Casas E., Keele J.W., Smith T.P., Chitko-McKown C.G., Laegreid W.W. (2002).

- Selection and use of SNP markers for animal identification and paternity analysis in U.S. beef cattle. *Mamm. Genome* 13: 272–281.
- Hulsegge M., Schoon J., Windig M., Neuteboom S.J., Hiemstra A., Schurink. (2019) Development of a genetic tool for determining breed purity of cattle. *Livest. Sci.* 223: 60–67.
- ICAR (2026) www.icar.org/Documents/GenoEx/ICAR%20Guidelines%20for%20Parentage%20Verification%20and%20Parentage%20Discovery%20based%20on%20SNP.pdf (accessed January 2026).
- ICAR (2018) www.icar.org/Guidelines/01-General-Rules.pdf (acceso octubre 2018).
- IPCVA (2011) Marcadores moleculares de terneza y calidad de carne. Instituto de Promoción de la Carne Vacuna Argentina. Cuadernillo Técnico N° 11: 32 pp.
- Jacinto J., Letko A., Gentile A., Otter A., Floyd T., Collins R., Richey M., Carty H., Scholes S., Jones A., Fuller H., Häfliger I.M., Strugnell B., Studer E., Benazzi C., Bolcato M., Starič J., Diana A., Weber J., Freick M., Lühken G., Tammen I., Kraft D.C.E., Lindgren C.M., Sickinger M., Soto S., O'Rourke B.A., Agerholm J.S., Drögemüller C. (2025) Exploring skeletal disorders in cattle and sheep: a WGS-based framework for diagnosis and classification. *Genet. Sel. Evol.* 57: 51.
- Johnson L. E., Harshfield G.S., McCone W. (1950) Dwarfism, an hereditary defect in cattle. *J. Heredity* 41: 177–181.
- Kalbfleisch T.S., McKay S.D., Murdoch B.M. et al. (2024) The Ruminant Telomere-to-Telomere (RT2T) Consortium. *Nat. Genet.* 56: 1566–1573.
- Kerr R.J., Kinghorn B.P. (1996) An efficient algorithm for segregation analysis in large populations. *J. Anim. Breed. Genet.* 113: 457–469.
- Kockum I., Huang J., Stridh P. (2023). Overview of genotyping technologies and methods. *Current Protocols*, 3, e727.
- Legarra A., Aguilar I., Misztal I. (2009) A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *J. Dairy. Sci.* 92(9): 4656–4663.
- López Valiente S., Rodríguez A. M., Quintana J., Otero G., Maresca S. (2025) Diferencias esperadas en la progenie genómicas (DEPG) versus las diferencias observadas. *Rev. Arg. Prod. Anim.* 45(1): 42.
- Lourenco D., Legarra A., Tsuruta S., Masuda, Y., Aguilar I., Misztal I. (2020) Single-Step Genomic Evaluations from Theory to Practice: Using SNP Chips and Sequence Data in BLUPF90. *Genes* 11(7): 790.
- Macor L., Monterubbianesi M.G., Corva P.M. (2013) Simulación de estrategias de selección asistida por marcadores en bovinos para carne Arch. Latinoam. Prod. Anim. 21: 55–62.
- McClure M., Sonstegard T., Wiggans G., Van Tassell C.P. (2012) Imputation of microsatellite alleles from dense SNP genotypes for parental verification. *Front. Genet.* 3:140.
- McClure M. C., McCarthy J., Flynn J., Weld R., Keane M., O'Connell K. (2015) SNP selection for nationwide parentage verification and identification in beef and dairy cattle. *Proceedings, International Committee for Animal Recording Technical Series*, June 2015, Krakow, Poland; 175–181.
- McClure M.C., McCarthy J., Flynn P., McClure J.C., Dair E., O'Connell D.K., Kearney J.F. (2018) SNP data quality control in a national beef and dairy cattle system and highly accurate SNP based parentage verification and identification. *Front Genet.* 15(9): 84.
- McLaren W., Gil L., Hunt S.E., Riat H.S., Ritchie G.R., Thormann A., Flicek P., Cunningham F. (2016) The Ensembl Variant Effect Predictor. *Genome Biol.* 17:122.
- Matukumalli L.K., Lawley C.T., Schnabel R.D., Taylor J.F., Allan M.F., Heaton M.P., O'Connell J., Moore S.S., Smith T.P.L., Sonstegard T.S., Van Tassell, C.P. (2009). Development and characterization of a high density SNP genotyping assay for cattle. *PLoS ONE* 4(4): e5350.
- Meuwissen T. H., Hayes B. J., Goddard M. E. (2001) Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157(4): 1819–1829.
- Pimentel E.C.G., Edel C., Emmerling R., Götz K.U. (2024) How pedigree errors affect genetic evaluations and validation statistics. *J Dairy Sci.* 107(6): 3716–3723.
- Retallick-Riley K. (2024) A Legacy of Heritage and Innovation. How data and genetics shaped the Angus breed's dominance. Angus Genetics Inc. <https://www.angus.org/angus-media/angus-journal/2024/11/a-legacy-of-heritage-and-innovation> (acceso diciembre 2025).
- Rowan T. N. (2023) Practical applications of genomics. American Association of Bovine Practitioners Conference Proceedings, 43–46.
- Rowan T. N. (2025) A primer on sequencing and genotype imputation in cattle. *J. Anim. Sci.* 103: skaf293.
- Smith T.P.L., Bickhart D.M., Boichard, D. et al. (2023) The Bovine Pangenome Consortium: democratizing production and accessibility of genome assemblies for global cattle breeds and other bovine species. *Genome Biol.* 24: 139.
- Stormont C. (1967) Contribution of blood typing to dairy science progress. *J. Dairy Sci.* 50: 253–260.
- Tammen I., Mather M., Leeb T., Nicholas F.W. (2024) Online Mendelian Inheritance in Animals (OMIA): a genetic resource for vertebrate animals. *Mamm. Genome* 35: 556–564.
- The Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium, Elsik C.G., Tellam R.L., Worle, K.C. (2009) The genome sequence of taurine cattle: A window to ruminant biology and evolution. *Science* 324: 522–528.
- The Bovine HapMap Consortium et al. (2009). Genome-wide survey of SNP variation uncovers the genetic structure of cattle breeds. *Science* 324: 528–532.
- The FAANG Consortium et al. (2015) Coordinated international action to accelerate genome-to-phenome with FAANG, the Functional Annotation of Animal Genomes project. *Genome Biol.* 16(1):57.
- Upperman L.R., Kinghorn B.P., MacNeil M.D., Van Eenennaam, A. (2019) Management of lethal recessive alleles in beef cattle through the use of mate selection software. *Genet. Sel. Evol.* 51: 36.
- Van Eenennaam A. (2014) Managing Genetic Defects. https://beef-cattle.extension.org/wp-content/uploads/2019/09/10_Managing-Genetic-Defects_Arial_1.pdf; 4 pp. (acceso diciembre 2025).
- Van Eenennaam A. L., Li J., Thallman R. M., Quaas R. L., Dikeman M. E., M. E. Gill M. E., Franke D. E., Thomas M. G. (2007) Validation of commercial DNA tests for quantitative beef quality traits. *J. Anim. Sci.* 85: 891–900.
- VanRaden P.M., Olson K.M., Null D.J., Hutchison J.L. (2011) Harmful recessive effects on fertility detected by absence of homozygous haplotypes. *J. Dairy Sci.* 94: 6153–6161.
- Wiggans G.R., VanRaden P.M., Cooper T.A. (2011) The genomic evaluation system in the United States: past, present, future. *J Dairy Sci.* 94: 3202–3211.

FUENTES DE FINANCIACIÓN

Proyecto AGR707/24. Universidad Nacional de Mar del Plata. 2024-2025.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos al Laboratorio de Genética Aplicada de la Sociedad Rural Argentina por la información suministrada para el análisis de la evolución de los análisis de STR, SNPs y Genómica.

—

[Supplementary Tables](#)