

CGMA

**CITOGENÉTICA,
GENÉTICA Y
MEJORAMIENTO
ANIMAL**

ANIMAL CYTOGENETICS,
GENETICS AND
BREEDING

CGMA 1

CARACTERIZACIÓN CITOGÉNICA DE POBLACIONES DE LABORATORIO DEL COMPLEJO DE ESPECIES CRÍPTICAS *ANASTREPHA FRATERCULUS*

Giardini M.C.¹, Nieves M.², Cancio-Martínez E.³, Milla F.H.¹, Florencia Fourastie F.⁴, Graciela Gonzalez G.⁴, Vera M.T.³, Bourtzis K.³, Lanzavecchia S.B.¹. ¹ INTA, Argentina, ² CEMIC-CONICET, Argentina, ³ IPCL, FAO/IAEA, Austria, ⁴ FCEyN-UBA, Argentina. giardini.maria@inta.gob.ar

La mosca sudamericana de la fruta, *Anastrepha fraterculus* (Diptera: Tephritidae), es una importante plaga agrícola y constituye un complejo de especies crípticas distribuidas desde México hasta el norte y centro de Argentina. Ocho morfotipos han sido identificados inicialmente a partir de caracteres morfológicos y posteriormente respaldados mediante estudios genéticos y comportamentales; sin embargo, solo 5 han sido caracterizados citogenéticamente. Dado que las colonias de laboratorio constituyen la base para el desarrollo de cepas de sexado genético (GSS) utilizadas en la técnica del insecto estéril (TIE), resulta fundamental conocer su variabilidad cromosómica. El objetivo de este estudio fue describir el cariotipo de poblaciones de laboratorio de *A. fraterculus* mantenidas en el Insect Pest Control Laboratory (IPCL) y compararlas con los morfotipos previamente definidos. Se analizaron poblaciones provenientes de Vacaría y Piracicaba (Brasil), Piura y Cusco (Perú), Ibagué (Colombia) y Guayaquil (Ecuador). Las preparaciones mitóticas, obtenidas a partir de ganglios cerebrales de larvas de tercer estadio, fueron teñidas secuencialmente con DAPI/CMA. El análisis citogenético permitió identificar tres nuevos cariotipos en las cepas de Ibagué, Piracicaba y Cusco, mientras que las poblaciones de Guayaquil y Piura compartieron un cariotipo coincidente con el morfotipo Peruano o sp.4. Estos resultados destacan la importancia de integrar análisis multidisciplinarios para delimitar los morfotipos y desarrollar GSS estables y eficientes para aplicaciones de la TIE.

CGMA 2

PRESENCIA DE UN MOSAICO CROMOSÓMICO EN LA CHINCHE ACUÁTICA *BELOSTOMA ELEGANS* (MAYR, 1871) (HETEROPTERA: BELOSTOMATIDAE)

Barceló F.J.¹, Steinberg E.R.¹, Bressa M.J.¹. ¹ Instituto de Ecología, Genética y Evolución de Buenos Aires (CONICET), Departamento de Ecología, Genética y Evolución, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires, Argentina. barcelofranco0@gmail.com

La aparición de individuos heterocigotas para alteraciones cromosómicas es poco frecuente en poblaciones naturales de organismos con cromosomas holocéntricos. En cinco especies de Heteroptera se ha descrito la presencia de mutantes espontáneos o poblaciones polimórficas para el número de cromosomas sexuales. En este trabajo se analizó citogenéticamente un ejemplar de *Belostoma elegans* ($2n = 29 = 26A + X_1X_2Y$, ♂) de una muestra colectada en La Plata (Buenos Aires, Argentina, 1/2026). Las preparaciones cromosómicas se confeccionaron a partir de testículos por dispersión en plato caliente (42°C), con posterior tinción convencional y DAPI. En prometáfase y metafase mitóticas se observaron 29 cromosomas. En metafase I se distinguieron 13 bivalentes autosómicos (IIA) y los sexuales X_1 , X_2 e Y como univalentes (102 células analizadas). En metafase II se observaron 111 células normales con $13A + pseudotrivalente X_1X_2Y$ (71,61%) y 44 células mutantes con sólo $13A$ (28,39%). Dado que todos los espermatoцитos primarios observados eran normales y no todos los espermatoцитos secundarios eran mutantes, inferimos que la alteración debió ocurrir en anafase I por una no disyunción de las cromátides hermanas de cada sexual, i.e. migrando juntas a un mismo polo. En vista de no observar metafases II con cromosomas X_1 , X_2 e Y con dos cromátides cada uno, se propone que estas células producto de la no disyunción resultaron inviables. Este trabajo constituye el segundo antecedente en Belostomatidae sobre la presencia de un individuo portador de un mosaico sexual ($X_1X_2Y/---$) en poblaciones naturales.

CGMA 3

UNA FIGURITA DIFÍCIL DE ARGENTINA: SAPAJUS CAY (CEBIDAE), EL PRIMATE MÁS DESAFIANTE.

Nieves M.¹, Ferreras E.O.¹, Mariana Raño², Dunogent L.T.¹, Kubickova³, Vozdova M.³. ¹ Laboratorio de Arquitectura Genómica de Mamíferos (arGENma), UE CEMIC-CONICET, Argentina, ² Dirección Regional NEA, Administración de Parques Nacionales, Corrientes, Argentina, ³ Department of Genetics and Reproductive Biotechnologies, Veterinary Research Institute, Brno, Czech Republic. mnieves@cemic.edu.ar

El mono caí de las Yungas, *Sapajus cay* (SCY) (Cebidae) es, de las 5 especies de primates de Argentina, la más esquiua. Habita en el noroeste argentino, en zonas remotas o de difícil acceso, por lo que gran parte del conocimiento se obtuvo de individuos y poblaciones de otros países o ejemplares en cautiverio. Muestra tres morfotipos, cada uno asociado al cariotipo más frecuente y con su probable origen geográfico. Dos grupos genéticamente divergentes (NOA y NEA), con alta diversidad mitocondrial. Heterocromatina género-específica, rica en ADN repetitivo, compuesta por bloques peri- y extracentroméricos distintos del ADN repetitivo centromérico. Para mejorar el conocimiento sobre la arquitectura genómica de SCY caracterizamos por FISH una secuencia específica de ADN satélite centromérico, el patrón DAPI/CMA3, y analizamos inestabilidad a partir de aberraciones cromosómicas (AC). Realizamos cultivos de linfocitos de sangre periférica de 6 individuos de SCY del ex Bioterio CEMIC, CABA, Argentina. FISH centromérico mostró 54 señales en hembras, 53 en machos y 3 grupos de tamaños de señal relacionados con la morfología y la etapa evolutiva del cromosoma. Las AC fueron mayormente gaps simples y dobles y en menor frecuencia dicéntricos. Los resultados evidencian un proceso evolutivo de remodelación genómica donde es clave la acumulación o eliminación de heterocromatina, resaltando la compartimentalización funcional genómica en *Sapajus*. Diferenciándose de *S. nigritus*, la otra especie presente en Argentina, resaltamos la necesidad de caracterizar detalladamente su organización.

CGMA 4

PATRÓN COMPOSICIONAL DE LA CROMATINA DE PRIMATES: ANÁLISIS DE CONSERVACIÓN DE ISOCOROS EN ATELES CHAMEK (PLATYRRHINI: ATELIDAE)

Bressa M.J.¹, Stramelini J.¹, Mudry M.D.¹, Steinberg E.R.¹. ¹ Grupo de Citogenética de Insectos, IEGEBA (CONICET), Depto. EGE, FCEyN, Universidad de Buenos Aires, Argentina, mjbressa@ege.fcen.uba.ar

El genoma, según su composición de bases, presenta patrones similares o idénticos en organismos cercanos filogenéticamente. Estos perfiles nucleotídicos se corresponden con un número discreto de familias, denominadas isocoros, que permiten analizar e interpretar la evolución de un grupo taxonómico de interés. En este trabajo se analizó la cromatina en términos de contenido, distribución y localización de secuencias de bases específicas (AT/GC) en ejemplares adultos de zoológicos y centros de cría de Argentina del mono araña de cara negra, *Ateles chamek* ($2n=34$, XX/XY) ($2 ?$ y $3 ?$). Los fenotipos genómicos se estudiaron con bandas secuenciales fluorescentes DAPI/CMA3 y se compararon con los descritos en humanos. Se detectaron bandas DAPI+/CMA3- intersticiales (pares 1-13 y X), pericentroméricas (1 y 3) y teloméricas (7); bandas DAPI-/CMA3+ intersticiales (1-6 y X), pericentroméricas (2, 5, 7 y 8) y teloméricas (1-5, 7-11, 14 y X). El cariotipo de *A. chamek*, surgido de múltiples fusiones cromosómicas, es notablemente derivado comparado con el cariotipo ancestral propuesto para Atelidae y Platyrrhini. Al analizar la homeología con *Homo sapiens* algunas regiones cromosómicas mostraron concordancia con los isocoros humanos en sentencias altamente conservadas (e.g.: 3/15, 5/8 y 10/2) y no así en otras. La actual constitución genómica se explicaría como consecuencia de una posible amplificación y/o pérdida de pares de bases seguida de una posterior diversificación en los isocoros, junto a los distintos reordenamientos cromosómicos que caracterizan su particular proceso especiogénico.

CGMA 5

PARÁMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES DE CRECIMIENTO Y RENDIMIENTO DE CANAL EN OVINOS TEXEL

Sebastian Zapata Balanta S.¹, Peraza P.², Ciappesoni ², Parra Bracamonte G.M.¹. ¹ Centro de Biotecnología Genómica, Reynosa, Tamaulipas, 88710, México, ² Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Las Brujas, Canelones 90100, Uruguay. szapatab2400@alumno.ipn.mx

La mejora de caracteres de crecimiento y canal son fundamentales para aumentar la eficiencia productiva en ovinos. El objetivo de este estudio fue estimar componentes de varianza, heredabilidad y correlaciones genéticas para peso al nacimiento (PN), peso al destete (PD), peso en recría (PR), área de ojo de bife (AOB), espesor de grasa (EG) y peso de canal caliente (PCC) en ovinos de la raza Texel. Se analizaron aproximadamente 12,300 registros fenotípicos, considerando una genealogía de 17,972 animales. El modelo animal incluyó grupo contemporáneo, tipo de nacimiento y edad de la madre como efectos fijos y edad de recría como covariable, adicionalmente, se incorporó información genómica de 31,882 SNP para construir la matriz de relaciones genómicas. Los parámetros genéticos fueron estimados con inferencia bayesiana utilizando GIBBSF90+. Las heredabilidades estimadas fueron de 0.43 (PN), 0.34 (PD), 0.32 (PR), 0.25 (AOB), 0.23 (EG) y 0.30 (PCC), siendo moderadas a altas. Las correlaciones genéticas fueron positivas entre todos los caracteres, y se destacaron altas asociaciones entre PR-AOB (0.85), PR-PD (0.79) y PR-PCC (0.78). Estos resultados evidencian una fuerte relación genética entre rasgos asociados al crecimiento que afectan directamente el peso del animal y un rol importante de PR como una característica indicadora central altamente relacionada con el crecimiento y el desarrollo muscular. En conjunto, estos resultados indican la posibilidad de mejorar simultáneamente características de crecimiento y de canal mediante selección genética apoyada en información genómica.

CGMA 6

INDUCCIÓN DE GENOTIPO AUTOTETRAPLOIDE SEXUAL A PARTIR DE DIPLOIDE DE PASPALUM VAGINATUM

Novo P.N.^{1,2}, Espíndola M.O.¹, Galdeano F.^{1,2}, Acuña C.A.^{1,2}. ¹ Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional del Nordeste (FCA-UNNE), Argentina, ² Instituto de Botánica del Nordeste (IBONE-CONICET), Argentina, patriciaenovo@gmail.com

Paspalum es uno de los géneros de gramíneas más importantes en la vegetación natural del noreste argentino. La mayoría de las especies son multiploides, con un citotipo diploide sexual autoincompatible (2x) y un citotipo tetraploide apomíctico conoespecífico (4x), pseudógamo y autocompatible. *P. vaginatum* crece en suelos salinos y arenosos de zonas húmedas, desde el sudeste de Estados Unidos hasta el sur de Sudamérica, y es valiosa como césped por su crecimiento postrado. La obtención de plantas 4x sexuales es clave para el mejoramiento genético mediante cruzamientos. El objetivo fue generar plantas 4x sexuales a partir de genotipos 2x mediante el uso de colchicina. Se utilizaron 1600 cariopses y 550 plántulas de una línea 2x sexual de *P. vaginatum* Oregon, tratados con colchicina durante 2, 24 y 48 h. Solamente a partir de los cariopses tratados se obtuvo una plántula 4x correspondiente al tratamiento de 24 h, cuya condición se determinó mediante citometría de flujo y conteo cromosómico en puntas de raíces. El análisis por clarificado de ovarios confirmó que la planta mantiene la reproducción sexual. El material duplicado presentó mayor tamaño de espiguillas respecto al 2x, evidenciando el efecto "gigas", así como también en hojas y racimos. La producción de semillas en autopolinización fue nula, al igual que en el 2x; sin embargo, en polinización libre fue de 0,89%. Este resultado constituye el primer reporte de una planta 4x sexual en la especie y abre la posibilidad de desarrollar programas de mejoramiento a nivel tetraploide.

CGMA 7

PERFILES DE EXPRESIÓN GÉNICA EN SANGRE DE VAQUILLONAS BRANGUS BAJO DESAFÍO DE INFESTACIÓN ARTIFICIAL CON LA GARRAPATA RHIPICEPHALUS MICROPLUS

Giovambattista G.¹, Martin Bonamy M.¹, Nava S.², Munilla S.³, Rossner M.V.⁴, Sarli M.², Morel N.², Fernandez M.E.¹.

¹ IGEVET, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP, Argentina, ² INTA EEA Rafaela, Santa Fe, Argentina, ³ Departamento de Producción Animal, Universidad de Buenos Aires, Argentina, ⁴ INTA EEA Colonia Benítez, Chaco, Argentina, guillermogiovambattista@gmail.com

La garrapata *Rhipicephalus microplus* es el ectoparásito más relevante para la ganadería del norte argentino, y tiene un gran impacto zootécnico disminuyendo significativamente la productividad de los rodeos. El objetivo de este trabajo fue analizar la expresión génica en sangre y las vías afectadas en vaquillonas Brangus resistentes (R) y susceptibles (S) en respuesta a la infestación artificial por *R. microplus* durante la fase parasítica del ciclo de vida de la garrapata. Utilizando datos de conteos de garrapatas realizados bajo desafío natural, se determinó la resistencia/susceptibilidad de 149 vaquillonas. Estos animales fueron sometidos a una infestación artificial con larvas de *R. microplus* y a los días 0, 2 y 21 post-infestación se realizaron conteos y se tomaron muestras de sangre para análisis del transcriptoma. Se seleccionaron 12 animales extremos (R= 6, S= 6) y se secuenciaron mediante RNAseq. No se detectaron genes diferencialmente expresados (DE) entre los grupos en ninguno de los tres momentos estudiados, aunque sí se hallaron genes DE significativos entre los momentos de muestreo dentro de cada grupo, observándose un enriquecimiento de genes pertenecientes a rutas biológicas de respuesta inmune y vías de señalización de hormonas. Estos resultados muestran que, a pesar de observarse una marcada diferencia fenotípica en la respuesta a la infestación entre los grupos, esta no pudo observarse a nivel de la expresión génica global en sangre. Sin embargo, se evidenció una significativa diferencia dentro de cada grupo a lo largo del desarrollo de la fase parasítica del ciclo de la garrapata.

CGMA 8

GENOMA NUCLEAR A NÍVEL CROMOSSÔMICO DA ABELHA TIUBA (MELIPONA (MELIKERRIA) FASCICULATA SMITH: MELIPONINI)

Nunes R.¹, Alves de Melo-Ximenes A.², de Bem Oliveira I.³, Costas dos Reis J.², Pelegrinetti Targueta C.², de Oliveira Dias R.², de M. Silva-Neto C.², Pires de Campos Telles M.², Corvalán L.C.J.². ¹ Universidade Estadual de Goiás, Brasil, ² UFG, Brasil, ³ UFI, United States of America. rhewter@ueg.br

Melipona fasciculata é uma abelha sem ferrão nativa dos biomas Cerrado e Amazônia, valorizada pela produção de mel e por seus serviços ecossistêmicos. A geração de recursos genômicos para a espécie pode subsidiar estratégias de conservação e futuros programas de melhoramento genético. Assim, este estudo teve como objetivo montar o genoma de *M. fasciculata* em nível cromossômico. As abelhas foram coletadas de meliponicultores em Goiânia, Brasil. O DNA foi extraído com o kit Monarch HMW, e o RNA com TRIzol. Bibliotecas de DNA e cDNA foram preparadas com o kit Nanopore SQK-LSK114 e sequenciadas na plataforma PromethION. O sequenciamento Hi-C foi realizado pela Arima Genomics. A montagem foi feita com Hifiasm, seguida de purga de haplótipos, scaffolding com YAHS v.1.2.2 e curadoria manual no JuiceBox. Possíveis contaminantes foram removidos com BlobToolKit v.4.5.0. A predição gênica foi realizada com AUGUSTUS v.3.4.0 e BRAKER3, usando reads de RNA e proteínas de artrópodes do Pfam como evidências. Foram gerados 32,9 Gbp de reads de alta qualidade para o genoma. A montagem recuperou um genoma de 651,19 Mb, com os nove maiores scaffolds correspondendo aos nove cromossomos da espécie. A montagem final apresentou 1.038 scaffolds, sendo que os scaffolds não ancorados foram marcados por alta proporção de elementos repetitivos e conteúdo GC inferior a 40%. O genoma apresentou 99,3% de completude e QV de 60,94, indicando alta acurácia. Foram preditos 17.459 genes, dos quais 92% foram mapeados nos cromossomos, com 98,2% de completude BUSCO. Este é o primeiro genoma cromossômico de *Mfa*.

CGMA 9

ANÁLISIS DE COMPOSICIÓN DE DIETA EN BOVINOS CRIOLLO URUGUAYO Y HEREFORD EN PASTOREO MEDIANTE METABARCODING DE ADN

Beretta B.¹, Marin L.², Piastrì S.^{2,3}, Cosse M.², Armstrong E.⁴.¹ Unidad de Genética, FVet, UdelaR, Uruguay, ² CICA-Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay, ³ Cenur Litoral Norte, UdelaR, Uruguay, ⁴ Unidad de Genética, FVet, UdelaR, Uruguay. bberetta68@gmail.com

El bovino Criollo Uruguayo (BCU) es una raza adaptada a las condiciones del pastizal uruguayo desde hace más de 400 años. En este estudio se comparó la composición de taxones vegetales mediante identificación por metabarcoding de ADN, consumidos por 7 vacas BCU y 7 vacas Hereford (raza seleccionada para producción de carne). Los animales convivieron en un mismo potrero de campo natural, sin suplementación, durante la época estival. Se extrajeron muestras de heces y, posterior a la extracción de ADN vegetal, se secuenció la región hipervariable del cloroplasto trnL. Los resultados primarios obtenidos muestran que las familias Poacea y Fabacea son las predominantes en la dieta de ambas razas. A nivel de género no hay una diferenciación significativa entre razas ($F = 1.22$, $R^2 = 0.09$, $p = 0.219$). A nivel de familia tampoco se detectaron diferencias significativas, aunque se observó una tendencia ($F = 1.74$, $R^2 = 0.13$, $p = 0.077$), reflejada en la cantidad de taxa consumidas por cada raza (BCU 69, Hereford 49). Se plantea extender el estudio a otras estaciones del año y ampliar la muestra para verificar esta tendencia. Estos estudios son de importancia para la caracterización de razas localmente adaptadas y la preservación del campo natural del Uruguay.

CGMA 10

ANÁLISIS DE LA EVOLUCIÓN DE LA ENDOGAMIA EN EL CABALLO POLO ARGENTINO MEDIANTE UNA APROXIMACIÓN GENÓMICA.

Karlau A.¹, Trigo P.¹, Arjona-Delgado M.Y.², Vargas-Pérez M.A.², Demyda-Peyrás S.². ¹ Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Argentina, ² Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, España. akarlau@fcv.unlp.edu.ar

El Caballo Polo Argentino (CPO) es la raza equina más valorada mundialmente para este deporte. El creciente uso de biotecnologías reproductivas y la alta presión de selección provocaron un aumento en la endogamia. Al ser una raza de registro abierto, la consanguinidad debe evaluarse utilizando un enfoque molecular ya que el pedigrí tiende a subestimar el nivel real. Este trabajo evaluó la consanguinidad en 733 caballos CPO nacidos entre 2000-2021 (189 machos y 544 hembras) utilizando información genómica (GGP Equine SNP Array, 71.609 SNPs). Se evaluaron solo SNPs con un call rate (>0.95) localizados en marcadores autosómicos (Chr1-Chr31). Los valores de FROH (coeficiente de endogamia molecular) se determinaron por individuo y cromosoma usando el método "sliding windows" del paquete de R DetectRUNS. Los resultados de FROH a nivel del genoma completo fueron $17.25\% \pm 2.74$ ($17.57\% \pm 2.48$ machos y $17.14\% \pm 2.81$ hembras), sin existir diferencias entre sexos. Los valores fueron superiores a los observados en otras razas como el Caballo Criollo ($6.79\% \pm 3.41$) y Pura Raza Español ($11.61\% \pm 4.18$), pero similares a los reportados en Pura Sangre Inglés ($19.61\% \pm 2.69$). A nivel cromosómico los valores variaron entre 11,65% en Chr12 hasta 23,76% en Chr1 ($p < 2.2 \times 10^{-16}$) demostrando la posible existencia de huellas de selección. Por último, los valores de FROH mostraron una tendencia creciente a lo largo de los años, aumentando cerca de un 15% durante el periodo evaluado. En conclusión, este estudio demuestra por primera vez la existencia de niveles de consanguinidad elevados en el caballo CPO.

CGMA 11

COMPARACIÓN DE ESTIMADORES DE CONSANGUINIDAD GENÓMICA Y GENEALÓGICA EN HEREFORD DE ARGENTINA

Pardo A.M.¹, Corva P.M.¹, Arroyo P.¹, ¹ IPADS (INTA-CONICET), Argentina. pardo.alan@inta.gob.ar

El objetivo de este trabajo fue estimar los “Runs of Homozygosity” (ROH) de diferentes clases de longitud y distintos coeficientes de consanguinidad genómica en bovinos Hereford argentinos, incluyendo el coeficiente basado en ROH (FROH), el estimado a partir de la matriz de parentesco genómico (FGRM) y el basado en modelos ocultos de Markov (FHMM), además de evaluar su relación con el coeficiente basado en genealogía (FPED). Se analizaron 1.463 animales genotipados con un chip de 100K SNP, de los cuales 80.897 marcadores autosómicos permanecieron luego de los controles de calidad realizados con PLINK. Los ROH se estimaron con el paquete DetectRUNS de R y se clasificaron según su longitud en 16Mb. FPED se calculó con CFC 1.0, FGRM con PLINK y FHMM con el paquete ZooRoH de R. Se estimó FROH total y por clase, y se calcularon correlaciones de Spearman entre los distintos estimadores de consanguinidad. Los coeficientes promedio fueron 0,03 para FPED, 0,16 para FROH, 0,02 para FGRM y 0,20 para FHMM, mientras que para las diferentes clases de ROH fueron 0,05 (16 Mb). La correlación entre FPED y FROH aumentó con la longitud de los ROH, con valores de -0,13 para ROH 16 Mb. FROH total mostró una correlación de 0,65 con FPED y de 0,39 con FGRM. FHMM presentó correlaciones de 0,67 con FPED, 0,98 con FROH total, 0,81 con FROH >16Mb y 0,44 con FGRM. Los resultados muestran que FROH, especialmente el estimado a partir de ROH largos, es un estimador robusto de la consanguinidad.

CGMA 12

RELACIONES FENOTÍPICAS Y GENÓMICAS DE CARACTERÍSTICAS DE IMPORTANCIA EN CABRITOS CRIOLLOS PERUANOS BAJO SISTEMA EXTENSIVO

Temoche Socola V.A.¹, Sessarego E.A.², Romero Avila Y.³, Martinez Zapata B.¹, Cruz J.C.², ¹ Estación Experimental Agraria Los Cedros, INIA, Perú, ² Dirección de Servicios Estratégicos Agrarios, INIA, Perú, ³ Estación Experimental Agraria El Chira, INIA, Perú. temochsocola@gmail.com

Las cabras criollas peruanas representan un importante recurso zoogenético adaptado a las condiciones del bosque seco tropical norteño; sin embargo, existe limitada información sobre la relación entre caracteres fenotípicos y la variabilidad genómica asociada al crecimiento y conformación corporal. El objetivo del estudio fue generar información fenotípica, genealógica y biológica preliminar para futuros análisis de asociación genómica en cabras criollas peruanas manejadas bajo sistema extensivo. Se evaluaron 195 cabritos desde el nacimiento hasta los tres meses de edad en localidades de las provincias de Tumbes y Contralmirante Villar. Se registró el peso corporal cada 15 días y se realizaron mediciones zoométricas, incluyendo longitud corporal, perímetro torácico, altura a la cruz y anchura de cadera. Asimismo, se recopiló información genealógica y muestras biológicas para posteriores análisis mediante marcadores moleculares tipo SNP. Los resultados preliminares mostraron un peso promedio al nacimiento de 3,04 (0,58) kg y un peso promedio de 12,61 (3,54) kg al final del periodo evaluado. Se observaron asociaciones positivas entre el peso corporal y las variables zoométricas, especialmente con el perímetro torácico y la longitud corporal. Estos resultados constituyen una base estratégica para futuros estudios GWAS orientados a identificar marcadores SNP asociados a caracteres de crecimiento y conformación corporal en cabras criollas peruanas. Financiamiento: Proyecto Procap con CUI 2506684, denominando Proyecto de Mejoramiento de los servicios de investigación y transferencia de tecnologías para el manejo sostenible de la ganadería caprina en el Perú.

CGMA 13

MANEJO GENÉTICO-REPRODUCTIVO DE UN RODEO EXPERIMENTAL DE BOVINOS CRIOLLO URUGUAYO

Armstrong E.¹, Daniela Crespi D.², Aragunde R.², Carrillo C.², Naya I.³, Fila D.². ¹ Universidad de la República, Uruguay, ² UA Reproducción, Facultad de Veterinaria, Universidad de la República, Uruguay, ³ Lab. Fitotecnica, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. eileen.armstrong@gmail.com

La investigación en el Bovino Criollo Uruguayo (BCU, *Bos taurus*) integra el estudio de la diversidad genómica, la reproducción, la generación de bancos de germoplasma, la producción de carne, la cuantificación de emisiones de metano y el comportamiento en pastoreo, con el objetivo de consolidar la raza como recurso estratégico para la producción ganadera nacional, para lo cual la gestión poblacional resulta fundamental. Desde 2023, el Campo Experimental N°1 de la Facultad de Veterinaria (Migues, Canelones) alberga un rodeo experimental de 15 vacas BCU y sus terneros. El manejo reproductivo incluye un evento anual de inseminación artificial a tiempo fijo (IATF), con semen criopreservado de toros BCU de la reserva de San Miguel (SEPAE, Rocha). Como todos los animales comparten el mismo origen y en la reserva no se llevan registros genealógicos, se recurrió al genotipado masivo para seleccionar los toros y minimizar la endogamia. El parentesco máximo detectado fue de 0,4 (índice de Van Raden). La experiencia mostró además que los protocolos de IATF diseñados para razas comerciales arrojan en el BCU tasas de preñez menores que en Hereford (26,7 vs. 53,3%), aunque estas se elevan notablemente con monta natural (hasta 66,7% en BCU; datos de 2024), lo que confirma la elevada eficiencia reproductiva intrínseca de la raza. En este contexto, se plantea adaptar los protocolos de IATF, optimizar el uso del banco de semen existente y continuar un manejo que garantice la conservación de su diversidad genética. Financiación: ANII, CSIC-UDELAR (Uruguay).

CGMA 14

COMPLEJO DE MALFORMACIÓN VERTEBRAL (CVM) EN BOVINOS HOLSTEIN FRIESIAN DE PARAGUAY

Castro Rojas L.A.¹, Artigas R.², Ramírez J.¹, Scavone G.¹, Viñales Romero F.J.¹, Domínguez M.¹, Irrazábal P.¹, Vargas Flores R.N.¹. ¹ Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Veterinarias, Dpto. de Genética y Zootecnia, Paraguay, ² Universidad de la República, Departamento de Producción Animal y Salud de los Sistemas Productivos, Facultad de Veterinaria, Uruguay. lcastro@vet.una.py

El complejo de Malformación Vertebral (CVM) es una enfermedad genética autosómica recesiva descrita en bovinos de la raza Holstein Friesian, originada por la sustitución de una guanina (G) por una timina (T) del gen SLC35A3, generando muerte embrionaria o el nacimiento de terneros muertos con malformaciones del esqueleto axial. Los animales portadores del alelo mutante presentan reducción de la fertilidad y de los índices reproductivos. El objetivo de este estudio fue evaluar la presencia de la mutación asociada al CVM en bovinos Holstein Friesian en tambos de mediana producción ubicados en Paraguay. Se analizaron 100 hembras bovinas procedentes de 5 establecimientos aleatorios, seleccionadas al azar entre la población disponible que cumplieran con los criterios de no estar emparentadas por línea paterna ni materna. El análisis se realizó utilizando la plataforma Axiom™ Bovine Genotyping v3 Array (100K). Los resultados evidenciaron que ninguno de los animales analizados en este estudio resultó portador de la mutación. Este hallazgo sugiere una baja circulación del alelo deletéreo en la población estudiada, pudiendo atribuirse principalmente al uso de reproductores libres de la enfermedad. Los resultados constituyen un antecedente relevante para el monitoreo sanitario del hato lechero en Paraguay.

CGMA 15

ESTUDIO DE UNA DELECCIÓN EN EL GEN POMC ASOCIADO A LA OBESIDAD EN CANINOS DE URUGUAY

Lachs S.¹, Nariné Balemian N.¹, Montenegro M.¹. ¹ Facultad de Veterinaria, Udelar, Uruguay. tefivet@gmail.com

La obesidad canina constituye una de las enfermedades nutricionales más prevalentes en medicina veterinaria y presenta un importante componente genético. En Labradores Retriever se describió una delección de 14 pb en el gen POMC asociada a hiperfagia, aumento de adiposidad y alteraciones en los mecanismos de saciedad. El objetivo del presente estudio fue identificar dicha delección en caninos de Uruguay. Se analizaron individuos de las razas Labrador Retriever, Bulldog Francés y Cimarrón Uruguayo. La condición corporal fue evaluada mediante la escala de 9 puntos de WSAVA. A partir de sangre periférica se extrajo ADN y se amplificó por PCR un fragmento de 520 pb del exón 3 del gen POMC, seguido de secuenciación Sanger. Los alineamientos se realizaron utilizando BioEdit y la referencia genómica *Canis lupus familiaris*. Los resultados evidenciaron la presencia de la delección de 14 pb en Labradores Retriever uruguayos en estado homocigoto y su ausencia en las demás razas analizadas. Además, se identificaron SNPs en regiones flanqueantes. Los individuos portadores de la delección presentaron una condición corporal promedio superior a la observada en los no portadores. Este estudio constituye la primera caracterización molecular de la delección de 14 pb en el gen POMC en una población canina de Uruguay y información relevante para profundizar futuras investigaciones sobre la contribución de variantes genéticas al desarrollo de la obesidad canina.

CGMA 16

IMPLEMENTACIÓN DE LA EVALUACION GENETICA NACIONAL PARA CARACTERÍSTICAS REPRODUCTIVAS EN LA RAZA ANGUS DEL URUGUAY

Lema O.¹, Aguilar I.¹, Pravia M.¹, Carracelas B.¹, Navajas E.¹, Quintans G.¹, Ravagnolo O.¹. ¹ INIA, Uruguay, mlema@inia.org.uy

El desarrollo del sistema SRGen, donde todos los eventos de los animales que integran el rodeo son registrados, ha permitido la implementación de la primera evaluación genética de características reproductivas en bovinos para carne en Uruguay. Éxito al parto (EP) expresado como porcentaje de preñez al primer servicio y días al parto (DP) en vaquillonas son las características analizadas. Se estimó la heredabilidad utilizando un modelo animal univariado, que incluyó el efecto fijo de grupo contemporáneo y la covariable edad al servicio (lineal). Se obtuvieron estimaciones de 0,06 (DS=0,02) y 0,06 (DS=0,01) para EP y DP respectivamente. Con fines de predicción se implementó un Single Step Blup utilizando los mismos efectos fijos. La información analizada incluye 39.777 animales en el archivo de pedigree, 11.628 genotipos y la información reproductiva de 8.022 vaquillonas nacidas entre 2013 y 2021 (801 genotipadas). DEP de EP oscilaron entre 3,8 y -3,5% y DP entre -3,3 y 2,9 días (percentiles 5 y 95 respectivamente). Toros con más de 10 hijas alcanzan precisiones promedio de 0,17 y 0,14 para genotipados y no genotipados respectivamente (rango de 0,06 a 0,47). Para vaquillonas genotipadas precisiones oscilaron entre 0,02 y 0,15 (promedio 0,09) y para no genotipadas entre 0,06 y 0,19 (promedio 0,07). Las diferencias en DEP se consideran suficientes para publicar la evaluación. Es necesario promover el registro en todos los rodeos para acumular información y poder analizar otras características como éxito al segundo servicio o permanencia en el rodeo.

CGMA 17

IDENTIFICACIÓN DE ANIMALES PORTADORES DEL SÍNDROME DE BRAQUIESPIÑA EN GANADO BOVINO HOLSTEIN FRIESIAN, PARAGUAY

Castro Rojas L.A.¹, Artigas R.², Ramírez J.¹, Vargas Flores R.N.¹, Llambí S.², Viñales Romero F.J.¹, Domínguez M.¹, Irrazábal P., Scavone G.¹. ¹ Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Veterinarias, Dpto. de Genética y Zootecnia, Paraguay, ² Universidad de la República. Departamento de Producción Animal y Salud de los Sistemas Productivos. Facultad de Veterinaria, Uruguay. lcastro@vet.una.py

El síndrome de Braquiespina (SB) es un trastorno hereditario letal autosómico recesivo de la raza Holstein, causado por una delección de 3,3 kb el gen FANCI, ubicado en el cromosoma 21, lo que genera una proteína no funcional. La enfermedad produce mayormente mortalidad embrionaria, sin embargo, en algunas ocasiones puede observarse el nacimiento de terneros muertos con marcadas malformaciones como braquignatismo inferior, desplazamiento caudal de las orejas, acortamiento de la columna y miembros desproporcionadamente largos que le dan al animal aspecto de alce. El objetivo de este estudio fue identificar la presencia del síndrome de braquiespina en ganado bovino Holstein Friesian en ambos lecheros de Paraguay. Fueron analizadas 184 muestras de sangre de hembras bovinas de 12 establecimientos, no emparentadas por línea paterna ni materna, utilizando la plataforma Axiom™ Bovine Genotyping v3 Array (100K). Los resultados evidenciaron que el 2,7% de los animales analizados en este estudio resultaron portadores del síndrome. Esto se acerca a lo reportado en otras poblaciones de ganado Holstein de la región, lo que sugiere la introducción mediante el uso de genética importada. Al no presentar manifestaciones fenotípicas, la detección de portadores por genotipificación resulta esencial para evitar apareamientos de riesgo y reducir las pérdidas reproductivas asociadas. Estos resultados destacan la importancia de incorporar el diagnóstico de enfermedades hereditarias como herramienta rutinaria en los programas de mejoramiento bovino del país.

CGMA 18

LINKING RUMEN MICROBIAL COMMUNITIES AND CAZYME FUNCTIONS TO FEED EFFICIENCY AND METHANE EMISSIONS

Peraza P.¹, Pereira J.², Licandro S.², Naya H.³, Sotelo-Silveira J.², Navajas E.A.¹. ¹ Sistema Ganadero Extensivo, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay, ² Departamento de Genómica, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable, Uruguay, ³ Unidad de Bioinformática, Institut Pasteur de Montevideo, Uruguay. pperaza@inia.org.uy

The rumen microbiome plays a key role in feed efficiency and methane production in cattle, yet the effects of contrasting production diets on its taxonomic and functional profiles remain incompletely understood. This study evaluated the structure and function of the rumen microbiome of Hereford steers with divergent feed efficiency and methane emissions under post-weaning (PW) and finishing (FIN) diets. The PW diet had a higher forage proportion, whereas the FIN diet contained a higher grain proportion, representing contrasting forage-to-concentrate ratios. Twenty rumen samples from each diet were analyzed using metagenomics and metatranscriptomics to characterize microbial composition, interaction networks, and carbohydrate-active enzymes (CAZymes). Diet was the main factor shaping microbial composition, with significant differences in alpha and beta diversity. The FIN diet showed greater richness and a higher abundance of amylolytic and propionate-producing genera, including *Succinivibrio* and *Methanobrevibacter*. In contrast, the PW diet was enriched in fibrolytic bacteria such as *Phil12* and *Succinimonas*. Network analysis identified microbial modules associated with methane production, including UBA3633 and UBA791, in more feed-efficient animals. CAZyme analysis showed that efficient animals displayed more direct hydrolytic pathways under PW diets and a more integrated enzymatic profile under FIN diets. Overall, feed-efficient microbiomes maximize energy extraction through metabolically efficient fermentation strategies, increasing energy availability for the host.