

GGM 19

HAPLOTIPOS MITOCONDRIALES EN LOS CABALLOS ÁRABE DE ARGENTINA

Sadaba S.A.^{1,2}, C.M. Corbi Botto^{1,2}, M.E. Zappa¹, P. Peral Garcia¹, S. Diaz¹. ¹Instituto de Genética Veterinaria "Ing. Fernando Noel Dulout", (IGEVEV), Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, CCT La Plata. ²Becarios del Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Argentina.
Email: sasadaba@igevet.gob.ar

El ADN mitocondrial (ADNmt) es una herramienta altamente informativa para inferir relaciones filogenéticas, caracterizar la variación intrarracial, el origen y los linajes maternos de razas equinas. El objetivo es identificar los haplotipos ADNmt presentes en 61 caballos de raza Árabe de diferentes Haras de Buenos Aires, con registros de pedigree del Stud Book Argentino, para comprender el origen y la diversificación de los caballos Árabes de Argentina. El ADN se obtuvo de pelos y se utilizó como molde para amplificar por PCR y secuenciar un fragmento de 247 pb de la región hipervariable 1 (HVR1). El análisis comparativo se realizó entre las secuencias obtenidas, la secuencia de referencia del ADNmt equino y 26 haplotipos identificados en caballos Árabes de otras regiones geográficas. El análisis de todas las secuencias permitió estimar un total de 37 haplotipos, definidos por 35 sitios informativos, y la diversidad haplotípica de $Hd=0,953$. Del total de haplotipos estimados, 14 sólo fueron encontrados en un animal (*singletons*), 14 mostraron 99-100 % de identidad con haplotipos definidos en Árabes. En el análisis filogenético todas las secuencias se agruparon en cinco haplogrupos: A-E. El 72 % de los caballos presentaron haplotipos de los grupos A y C, siendo los más frecuentes los haplotipos H01 y H21 en 36 % de los caballos. La raza Árabe es fundadora y antecesora de numerosas razas equinas, por lo que estos resultados proporcionarían información para realizar estudios de evolución, filogenia y filogeografía de razas equinas.

GGM 20

HEREDABILIDAD GENÓMICA EN CARACTERES DE CANAL PARA LA RAZA HEREFORD: RESULTADOS PRELIMINARES

Macedo F.L.¹, E.A. Navajas^{1,2}. ¹Unidad de Biotecnología, INIA, Uruguay. ²Programa de carne y lana, INIA, Uruguay.
Email: fermace@gmail.com

La inclusión de información genómica en caracteres como los de calidad de canal (CC), permite obtener valores de cría para reproductores jóvenes sin requerir pruebas de progenie lo que lleva a menores intervalos generacionales. La heredabilidad genómica (h_g^2) es un parámetro de interés que indica la proporción de la varianza observada que puede ser explicada por un panel de marcadores SNP. Para la evaluación de herramientas genómicas en la mejora de CC para la raza Hereford de Uruguay se analizaron los datos de CC de 750 novillos genotipados con 80 k y 700 k SNP. Previo a los análisis se realizó la imputación de 80 k a 700 k SNP para aquellos individuos genotipados con el 80 k. El modelo de análisis consideró como efectos: fecha de faena, tratamiento de recría y el valor de cría de los padres para área de ojo de bife, clasificados como de alto o bajo. Se estimaron h_g^2 para 6 CC mediante AI-REML. Como alternativa al error estándar, se calculó el desvío estándar (SD) a partir de muestreo repetido de los parámetros desde su distribución normal asintótica. Las h_g^2 fueron altas para pesos de hueso ($0,478 \pm 0,092$), corte pistola ($0,440 \pm 0,093$), carne en corte pistola ($0,403 \pm 0,094$) y medias para peso de "rump and loin" ($0,355 \pm 0,088$), canal caliente ($0,340 \pm 0,088$) y grasa ($0,251 \pm 0,092$). Estos resultados preliminares indican que los marcadores explican en buena medida la varianza observada y aportan información para profundizar en el estudio de la estructura genómica de las características en la población así como para estudios de asociación.