

GENETIC VARIABILITY OF A *Bos taurus* X *Bos indicus* CROSS
POPULATION AND VALIDATION OF GENOMIC REGIONS
INFLUENCING NEMATODE RESISTANCE

Benavides, M.V.*; Echevarria, F.A.M.*; Sonstegard, T.S.†; Van Tassel, C.P.†; Gasbarre, L.C.†
*Embrapa Southern Brazilian Sheep & Cattle Research Centre, Bage, RS, Brazil, †Bovine
Functional Genomics Lab, ARS, USDA, Beltsville, MD; magdabenavides@hotmail.com

The first Brazilian Brangus (5/8 Aberdeen Angus + 3/8 Nelore) herd has been developed and maintained since 1957 at the Embrapa Southern Brazilian Sheep & Cattle Research Centre in Bage, RS - Brazil (31.3oS 54.1oW). The genetic variability of this herd was studied in 230 12-, 18-, and 24-months old offspring, 4 sires and 102 dams, using a panel of 40 microsatellite markers, mainly from 6 bovine chromosomes. The offspring were exposed to natural challenge of gastrointestinal (GI) parasites when the animals grazed on naturally contaminated pastures during the spring and summer. The predominant parasite genera were *Haemonchus*, *Ostertagia*, *Trichostrongylus* and *Cooperia* spp in the younger animals. The microsatellite markers were chosen based on previous work at USDA, ARS in Beltsville, MD (USA) where researchers were able to identify quantitative trait loci for nematode resistance in an experimental herd. PCR multiplexes were optimised and analysed by fragment analysis using a ABI 3730 sequencer. The number of alleles varied from 4 to 17 and the polymorphic information content (PIC) from 0.476 to 0.863. Statistical analyses were performed on a set of 91 progeny from four sires and results showed that average logEPG [$\log(\text{EPG}+25)$] was significantly associated with markers on BTA6. This result confirmed that this region contains a linkage disequilibrium in different bovine populations, suggesting that this chromosomal region is important for cattle nematode resistance and provides a basis for the mechanisms of genetic resistance to these parasites.

UTILIZACAO DE ANIMAIS DE RAÇAS ADAPTADAS COMO ALTERNATIVA NO CRUZAMENTO COM FEMEAS F1 ZEBUÍNAS X BRITANICAS

Bocchi, A. L.; Oliveira, H. N.
Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia / Universidade Estadual Paulista – Botucatu, Brasil.; dribocchi@hotmail.com

Um dos principais entraves para a utilização do cruzamento entre taurinos e zebuínos, como ferramenta para aumento da produtividade da pecuária de corte no Brasil, é a destinação das fêmeas F1. Uma alternativa seria a utilização de um outro tipo biológico, proporcionando manutenção da heterose, produtividade e adaptabilidade. O objetivo do presente estudo foi o de verificar o efeito da utilização de raças com alguma proporção de genes de raças adaptadas de origem africana ou criolas sobre fêmeas F1 zebu x britânicas. Foram utilizados dados de cruzamentos de touros Belmont Red (BLR), Bonsmara (BSM), Caracu (CAR), Senepol (SEP), Tuli (TUL) em fêmeas 1/2 Nelore x Britânicas (Angus, Hereford ou Red Poll). Foram eliminados arquivos com ausência de informação para peso e registros com GC com menos de 2 animais. Após essas restrições o arquivo continha 22.234 animais e 1.170 GC. As características de peso à desmama (PD), peso ao sobreano (PS) e ganho médio diário no pós-desmame (GDS) foram analisados pelo método dos quadrados mínimos, através do procedimento GLM do SAS (1998), utilizando um modelo que incluiu o efeito de grupo contemporâneo (sexo x fazenda x ano x época de nascimento X lote de manejo) e raça do touro. As médias estimadas foram de 199,3kg, 198,2kg, 195,8kg, 201,7kg, 183,4kg para PD; 293,7kg, 292,6kg, 287,9kg, 297,0kg, 270,8kg para PS; 357,3g, 345,2g, 350,8g, 354,2g, 310,8g para GDS; respectivamente para as raças BLR, BSM, CAR, SEP e TUL. Para o PD e PS a raça TUL diferiu ($P<0,0001$) das demais, enquanto a raça SEP diferiu significativamente da BSM, CAR e TUL. Já para o GDS foi observada diferença significativa da raça TUL com as demais. Todas as raças estudadas são uma alternativa possível no cruzamento com fêmea F1 zebu x britânica, embora a produtividade da TUL seja menor que as demais.

Palavras-chaves: Belmont Red, Caracu, Senepol, Bonsmara, Tuli.

ANALISIS GENETICO DE DIECISIETE MICROSATELITES EN EL BOVINO CRIOLLO ARGENTINO PATAGONICO

Martinez R. D¹; Fernández E. N¹; Broccoli, A. M²; Martínez A³; y Delgado Bermejo J.V³.
¹Genética Animal Facultad de Ciencias Agrarias U.N.L.Z. Argentina.; ²Mejoramiento Vegetal Facultad de Ciencias Agrarias U.N.L.Z. Argentina.; ³Dpto. de Genética Facultad de Veterinaria Universidad de Córdoba España.; martinez@agrarias.unlz.edu.ar

El bovino criollo argentino patagónico constituye una subpoblación del ganado bovino criollo argentino, que se encuentra asilvestrada y aislada geográficamente en estado de pureza en el Parque Nacional Los Glaciares al S.O de la Provincia de Santa Cruz. La Facultad de Ciencias Agrarias de la UNLZ desarrolla un programa de conservación y caracterización del citado recurso. En el presente trabajo se realizó un perfil genético mediante el análisis de diecisiete microsatélites, del panel recomendado por FAO, en treinta y seis animales extraídos al azar de la población con genealogía desconocida. Se empleó el test exacto de Fisher para detectar desvíos del equilibrio Hardy-Weinberg (E-HW), y para describir la variabilidad genética dentro de la población se calculó, para cada locus, el número de alelos (n_a), la heterocigosidad observada (h_o) y la heterocigosidad esperada (h_e) bajo E-HW, el estadístico F_{is} y el contenido de información polimórfica (PIC). Considerando todos los loci, se calcularon los valores medios para h_o , h_e , PIC y F_{is} . A excepción del locus ILSTS6 ($p<0,01$), el resto de los loci están en E-HW. Todos los loci fueron polimórficos. Los valores medios para n_a , h_o , h_e , F_{is} y PIC fueron de 4.88, 0.6050, 0.6222 y 0.0135 y 0.60 respectivamente. Las mayores h_e se encontraron en los loci CSM66 (0.7948) y TGLA227 (0.7878), información coincidente con la obtenida por otros autores en bovinos criollos del Parque Nacional de San Miguel (Uruguay), con valores de 0.80 y 0.75 respectivamente. Estos resultados constituyen una base para el estudio de la estructura poblacional y como herramienta para la definición de estrategias efectivas en la conservación.

DISTRIBUCIÓN DE LA FRECUENCIA GENOTÍPICA PARA EL GEN DE LA $\alpha S1$ -CASEÍNA EN UNA MAJADA DE CAPRINOS

Caffaro, M. E¹; Roldán, D. L¹; Rabasa, A. E. ²; Poli, M. A. ¹
¹Instituto de Genética, CICVyA-INTA, Castelar, cc 25, 1712-Castelar, Argentina. Tel. 54-011-44500805 mcaffaro@cnia.inta.gov.ar ² CONICET-Fac. de Agr. y Zootecnia, UNT, Argentina.

En el locus de la $\alpha s1$ caseína (*CSN1S1*) caprina se ha descrito un complejo polimorfismo que afecta la cantidad de caseína en la leche, el cual puede ser agrupado en cuatro niveles de expresión: "alelos fuertes", "alelos intermedios", "alelos débiles" y "alelos nulos". Además, contribuiría en la variabilidad observada en los contenidos de proteína total y materia grasa de la leche. **Objetivo:** determinar la frecuencia genotípica para el locus de la *CSN1S1* en una majada de caprinos del noroeste argentino. **Animales:** 80 muestras (56 individuos agrupados en 8 familias y 24 individuos con relación de parentescos desconocidos), se estimaron las frecuencias genotípicas para este locus. **Variantes alélicas** determinadas mediante diferentes técnicas de reacción en cadena de la polimerasa (PCR). **Resultados:** el 66.4% de los animales son portadores de alelos fuertes en las siguientes combinaciones: 45.2% correspondió a fuerte/intermedio, 28.3% a fuerte/fuerte, 20.8% a fuerte/débil y 5.7% fuerte/nulo. El 27.6% de los individuos tuvieron alelos intermedios (aproximadamente el 47.5% para intermedios homocigotas e intermedio/débil, y 4.3% para intermedio/nulo). El 6.3% de los animales presentaron alelos débiles en combinación homocigota. Considerando la distribución de estos alelos dentro de las familias, se encontraron las siguientes contribuciones: dos de los padres (uno de la raza Saanen y otro Criollo), aportaron el 34% y 25%, respectivamente, para la combinación de alelos fuerte/intermedio. Un padre (Criollo), contribuyó con el 62.5% de hijos con genotipo intermedio/débil. Debido a la posibilidad de incluir también esta información para la predicción del mérito genético individual, los resultados obtenidos en el presente trabajo, son un punto inicial para diagramar los próximos apareamientos de un esquema de mejoramiento en esta majada.

: Proyecto BID1201, PICTO12968

Palabras claves: $\alpha s1$ caseína, frecuencia genotípica, caprinos, mejoramiento.