



LOCI DE CARACTERES CUANTITATIVOS PARA RASGOS REPRODUCTIVOS EN BOVINOS LECHEROS LOCALES

Raschia M.A.¹, D.O. Maizon², A.F. Amadio³, M.A. Poli¹

¹INTA, CICVyA, Instituto de Genética "Ewald A. Favret", Buenos Aires, Argentina; ²INTA, EEA Anguil, La Pampa, Argentina; ³INTA, EEA Rafaela, Santa Fe, CONICET, Argentina. E-mail: raschia.maria@inta.gob.ar

INTRODUCCIÓN

- La intensa selección para producción lechera junto con una consideración insuficiente de parámetros de fertilidad y salud, sumado a las correlaciones genéticas antagonistas o cercanas a cero entre caracteres productivos y reproductivos, va en detrimento de estos últimos rasgos (Berry y col., 2014).
- Muchos países ampliaron los objetivos de sus programas de cría de ganado lechero, desde un enfoque meramente productivo hacia uno más equilibrado que considera además la longevidad, la salud de la ubre, la conformación y la fertilidad (Miglior y col., 2005).
- En ganado lechero, se han reportado regiones del genoma asociadas con caracteres reproductivos, halladas tanto por medio de análisis de asociación a nivel del genoma completo o GWAS (Kiser y col., 2019; Höglund y col., 2015; Liu y col., 2017; Parker Gaddis y col., 2016) como mediante el abordaje con genes candidatos (Clempton y col., 2012; Kadri y col., 2014).
- La información genómica generada está siendo incluida en los programas de cría para ganado lechero de los países desarrollados. Continuar la investigación en esta área estudiando la población local es de vital importancia dado que la implementación de este tipo de programas requiere el conocimiento y caracterización de la población sobre la que se utilizarán.

OBJETIVOS

Los objetivos de este trabajo fueron:

- caracterizar rodeos lecheros locales en función de caracteres reproductivos, e
- identificar variantes alélicas o regiones genómicas asociadas a indicadores de fertilidad en vacas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Base de datos. Registros de servicios y partos de 24.195 vacas Holando y Holando x Jersey de un rodeo comercial de la región centro de la provincia de Santa Fe.

Fenotipos. Indicadores de fertilidad en vacas: edad al primer parto, edad a la primera concepción, intervalo entre partos, intervalo parto-primer servicio, intervalo parto-concepción e intervalo primer servicio-concepción (en vaquillonas y en vacas).

Genotipos. De 999 animales, obtenidos con el chip BovineSNP50 v2 de Illumina.

Análisis. Mediante los programas RENUMf90, AIREMLf90, PreGSf90, BLUPf90, PostGSf90 del paquete de programas BLUPf90 se realizó la estimación de componentes de varianza, heredabilidades y un análisis de asociación de genoma completo con modelos lineales mixtos y de repetibilidad, según el carácter. En caso de corresponder, se consideraron como efectos fijos: número de parto, número de servicios, efecto combinado de estación y año de parto, efecto combinado de estación y año de nacimiento, efecto combinado de estación y año del parto anterior, tipo de parto, tipo de parto anterior, tambo, duración de la gestación, duración de la gestación anterior, edad a la concepción, edad al parto anterior, edad al primer servicio y porcentaje de raza Holando; y como efectos aleatorios: el genético aditivo y del ambiente permanente. Se consideraron relevantes las ventanas de SNPs de 1 Mb de longitud que explicaron más de 10 veces la varianza genética esperada asumiendo una contribución equivalente para todas las ventanas analizadas.

RESULTADOS

Heredabilidades. Se obtuvieron heredabilidades de entre 2,1 y 7,7% (Tabla 1) para los distintos caracteres estudiados.

Carácter	h ² (%)
Edad al primer parto (EPP)	2,7
Edad a la primera concepción (EPCon)	7,7
Intervalo entre partos (IPP)	5,8
Intervalo parto-primer servicio (IPPS)	4,0
Intervalo parto-concepción (IPC)	3,2
Intervalo primer servicio-concepción en vaquillonas (IPSC _{vaq})	2,1
Intervalo primer servicio-concepción en vacas (IPSC _{vac})	2,1

Tabla 1. Heredabilidades de los distintos caracteres estudiados obtenida para la población de vacas Holando y cruza Holando x Jersey.

GWAS. Se hallaron 54 ventanas de SNPs relevantes para los rasgos estudiados: 6 para EPP, 7 para EPCon, 3 para IPP, 9 para IPPS, 10 para IPC, 6 para IPSC_{vaq} y 13 para IPSC_{vac} (Figura 1).

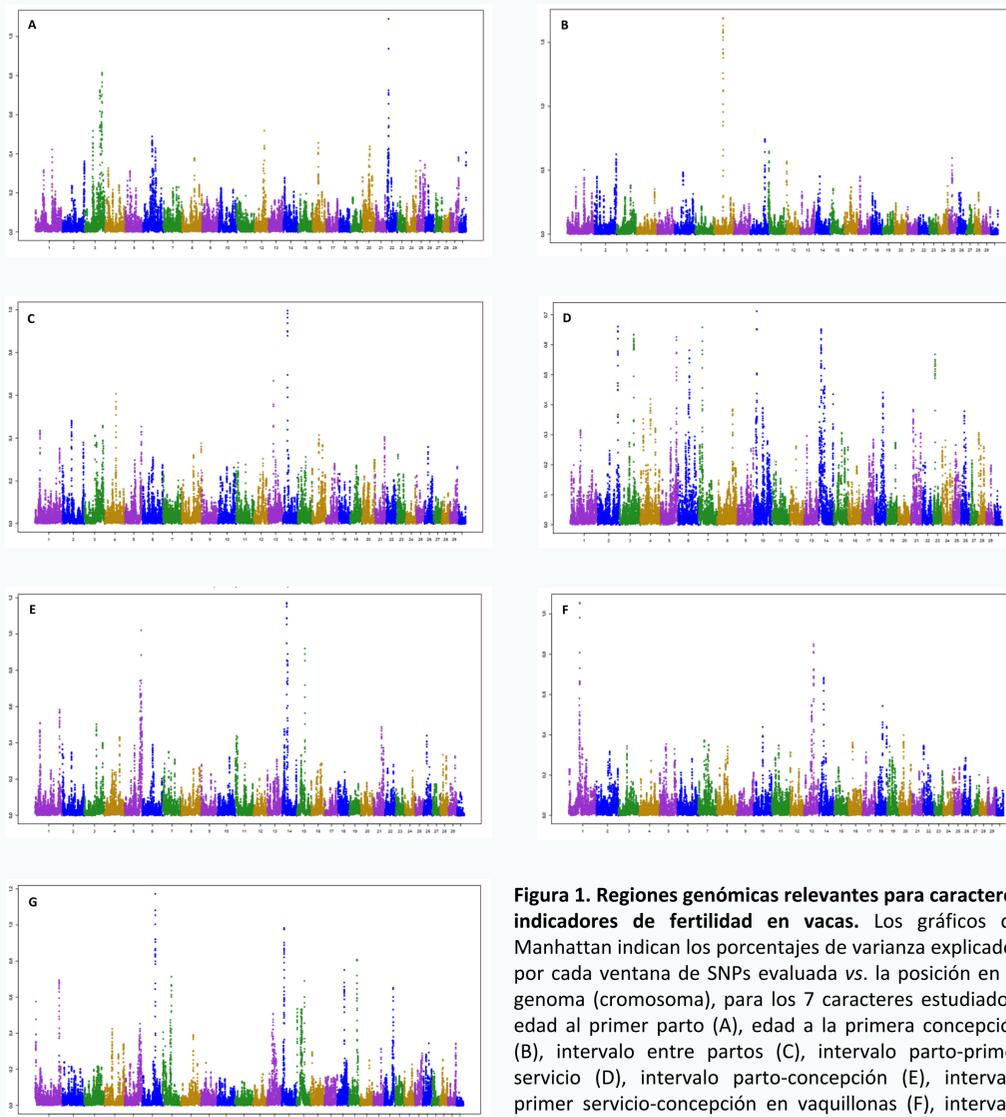


Figura 1. Regiones genómicas relevantes para caracteres indicadores de fertilidad en vacas. Los gráficos de Manhattan indican los porcentajes de varianza explicados por cada ventana de SNPs evaluada vs. la posición en el genoma (cromosoma), para los 7 caracteres estudiados: edad al primer parto (A), edad a la primera concepción (B), intervalo entre partos (C), intervalo parto-primer servicio (D), intervalo parto-concepción (E), intervalo primer servicio-concepción en vaquillonas (F), intervalo primer servicio-concepción en vacas (G).

CONCLUSIONES

- Las bajas heredabilidades obtenidas para los distintos caracteres indicadores de fertilidad en vacas estudiados concuerda con reportes de bibliografía.
- Los loci relevantes hallados requieren ser analizados en mayor profundidad, en el intento de dilucidar su influencia en la determinación de rasgos reproductivos de esta población de bovinos lecheros de Argentina.

Perspectivas futuras. Este estudio deberá continuarse con la identificación de los genes contenidos total o parcialmente en las regiones relevantes y la determinación de su contribución biológica a los rasgos estudiados.

FINANCIAMIENTO

- Proyectos INTA (PNBIO1131033, PEI018, PDI107, PEI114 y PEI145)
- Fondo para la Investigación Científica y Tecnológica (PICT-2017-4208)
- Agencia Internacional de Energía Atómica (CRPD3.10.30).

BIBLIOGRAFÍA

- Berry DP, Wall E, Pryce JE. Genetics and genomics of reproductive performance in dairy and beef cattle. *Animal*. 2014, 8:s1, 105-121.
- Miglior F, Muir BL, Van Doornaal BJ. Selection indices in Holstein cattle of various countries. *Journal of Dairy Science*. 2005, 88:1255-1263.
- Parker Gaddis KL, Null DJ, Cole JB. Explorations in genome-wide association studies and network analyses with dairy cattle fertility traits. *Journal of Dairy Science*. 2016, 99:1-16.
- Liu A, Wang Y, Sahana G, Zhang Q, Liu L, Lund MS, Su G. Genome-wide Association Studies for Female Fertility Traits in Chinese and Nordic Holsteins. *Scientific Reports*. 2017, 7:8487.
- Höglund JK, Buitenhuis B, Guldbandsen B, Lund MS, Sahana G. Genome-wide association study for female fertility in Nordic Red cattle. *BMC Genetics*. 2015, 16:110.
- Kadri NK, Sahana G, Charlier C, Iso-Touru T, Guldbandsen B, Karim L, Nielsen US, Panitz F, Aamand GP, Schulman N, Georges M, Vilkki J, Lund MS, Druet T. A 660-kb deletion with antagonistic effects on fertility and milk production segregates at high frequency in Nordic Red cattle: additional evidence for the common occurrence of balancing selection in livestock. *PLoS Genetics*. 2014, 10(1):e1004049.
- Kiser JN, Keuter EM, Seabury CM, Neupane M, Moraes JGN, Dalton J, Burns GW, Spencer TE, Neibergs HL. Validation of 46 loci associated with female fertility traits in cattle. *BMC Genomics*. 2019, 20:576.
- Clempton AM, Pollett GE, Brickell JS, Wathes DC. Associations between bovine IGF2BP2 polymorphisms with fertility, milk production and metabolic status in UK dairy cows. *Animal Biotechnology*. 2012, 23:101-113.