

Introducción: Se hace necesario aprovechar el momento coyuntural que presenta la ovinocultura en Colombia. Pese a ello, los sistemas de producción ovina presentan múltiples problemas. **Objetivo:** Estimar los efectos genéticos y ambientales sobre las variables Peso al Nacer (PN), Peso al Destete Ajustado (PDA) y Ganancia de Peso Predestete (GPP) en ovinos de pelo criollo colombiano. **Método:** Se tomaron 235 datos de PN, 195 de PDA y GPP entre los años 2012-2015, en un aprisco del municipio de Palmito Sucre, Colombia. El PDA y la GPP fueron ajustados a 90 d de edad. Se realizó un modelo mixto, que incluyó los efectos fijos de sexo del cordero, tipo de nacimiento del cordero (sencillo y múltiple), número de parto (primiparas y múltiparas), considerándose al padre (12) de la cría como efecto aleatorio y la época de parto/año como factor de bloqueo. Los componentes de varianza calculados, fueron utilizados para estimar la heredabilidad (h^2). Los cálculos fueron realizados mediante el procedimiento Mixed (SAS). **Resultados:** Las medias generales \pm desviación estándar fueron $2,8 \pm 0,2$ Kg, 95 ± 5 g y $11,6 \pm 3$ Kg para PN, GPP y PDA, respectivamente. Todas las variables afectaron ($p < 0,01$) el PN del cordero. La GPP y el PDA fueron afectados ($p < 0,01$) por el padre de la cría y época de parto/año. El número de parto afectó ($p < 0,01$) el PDA. El sexo del cordero no tuvo influencia en la GPP y PDA. Corderos nacidos de madres primiparas presentaron un mayor PN y PDA ($2,9 \pm 0,2$ y $13,1 \pm 2,8$ Kg) que los de madres múltiparas ($2,5 \pm 0,1$ y $10,2 \pm 3$ Kg). Los valores h^2 estimados fueron $0,11 \pm 0,02$, $0,29 \pm 0,05$ y $0,19 \pm 0,1$ para PN, PDA y GPP, respectivamente. La estimación de la h^2 , es de gran ayuda para decidir el método de mejora genética a seguir y calcular el avance genético esperado por selección. **Conclusión:** El padre afectó ($p < 0,01$) el PN, PDA, GPP. La época de parto/año afectó ($p < 0,01$) el PN, GPP y PDA, mientras que el sexo de la cría no tuvo influencia en la GPP y PDA. Los valores h^2 estimados, indican que el método de selección a seguir podría ser el de *pedigree* o progenie.

Palabras clave: heredabilidad, ovinocultura, peso pre-destete.

Keywords: heritability, pre-weaning weights, sheep farming.

Genotipos del gen TLR6 se asocian con puntaje de células somáticas en ganado Holstein

Genotypes of TLR6 gene are associated with somatic cell score in Holstein cattle

Juan P Arismendy Morales, Zoot, MSc; Albeiro López Herrera, MV, Zoot, MSc, PhD; José J Echeverri Zuluaga, Zoot, MSc, PhD .

Grupo de Investigación BIOGEM, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Colombia.

E-mail: jparismendym@unal.edu.co

Introducción: La producción de leche es uno de los sectores pecuarios más importantes en Colombia y el mundo y en los últimos años se han usado marcadores moleculares para la selección genética de ganado lechero de alto rendimiento. El gen inmunológico TLR6 tiene un gran potencial como marcador en procesos de selección de animales con mejores características zootécnicas, como resistencia a enfermedades bacterianas. **Objetivo:** Asociar los polimorfismos C1859A y A1980G del gen TLR6 con algunos parámetros productivos y reproductivos para establecer alelos que otorguen desempeños favorables. **Métodos:** Se tomaron muestras de sangre de 432 vacas Holstein del Norte de Antioquia (Colombia) y se realizó PCR-RFLP para la genotipificación de los polimorfismos del gen TLR6. Los parámetros evaluados fueron producción de leche por lactancia en Kg, porcentajes de proteína y grasa en leche, intervalo entre partos, servicios por concepción, y puntaje de Células Somáticas (SCS). Se usó para la asociación un modelo mixto de repeticiones con efecto aleatorio del animal y efectos fijos de número de parto, grupo contemporáneo (año y mes de parto y ható) y genotipo, y para el análisis de sustitución alélica un modelo de regresión lineal. **Resultados:** Solo se encontró asociación significativa entre ambos polimorfismos y SCS ($p < 0,01$), siendo el genotipo CC de C1859A mejor que el CA y el genotipo AA de A1980G mejor que el genotipo GA pero sin diferencia significativa al genotipo GG. El haplotipo (C1859A/A1980G) CC/AA fue

mejor que el haplotipo CA/GA pero no tuvo diferencia con los haplotipos CA/GG y CA/AA. Los análisis de sustitución alélica indicaron que para el polimorfismo C1859A cada cambio de C por A incrementa SCS en 0,37 y, para el polimorfismo A1980G, cada cambio de A por G aumenta SCS en 0,11. **Conclusión:** Por su función antibacteriana, el gen TLR6 tiene un importante efecto sobre las infecciones y los parámetros de calidad sanitaria, como el SCS. Por tanto, se postula como marcador molecular útil en la selección, basada en valores de SCS, contra enfermedades infecciosas como la mastitis.

Palabras clave: bovino, calidad, inmunidad, leche, PCR-RFLP.

Keywords: bovine, immunity, milk, PCR-RFLP, quality.

Modelado genético de la producción de leche en el día de control utilizando polinomios de Legendre

Genetic modeling of test date milk yield using Legendre polynomials

Jorge L López Martínez, Zoot, MSc(c); Luis G González Herrera, MVZ, PhD.

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Colombia.

E-mail: jollopezma@unal.edu.co

Introducción: La exactitud del análisis mediante Modelos de Regresión Aleatoria (RRM), depende de la definición de la función matemática para modelar los efectos que actúan sobre la Producción de Leche en el Día de Control (PLDC). **Objetivo:** Seleccionar el RRM que permite un mejor ajuste para los datos de PLDC en vacas Lucerna. **Métodos:** Se utilizó 36.750 registros de PLDC de vacas Lucerna de primera lactancia. En el modelo se incluyó el efecto fijo de grupos contemporáneos, la edad al parto y días en lactancia (covariables). Dos estructuras de varianza residual fueron evaluadas (homogénea y heterogéneas). Se empleó distintos órdenes de polinomios de Legendre (Le) para modelar los efectos aleatorios genético aditivo (ag) y de ambiente permanente (pe), variando de 3 a 6 órdenes. **Resultados:** Según los criterios de comparación de modelos (Akaike y Schwarz), el modelo con mejor ajuste para la PLDC fue el de 10 clases heterogéneas de varianza residual y de orden 5 y 6 para los efectos ag y de pe, respectivamente (Leg5.6.10). No obstante, este al considerarse menos parsimonioso que el resto de modelos empleados, se realizó un análisis gráfico del comportamiento de las varianzas genéticas a lo largo de la lactancia (del d 5 al 305), resultando en estimados similares tanto en el modelo más simple (Leg3.3.10) como en el más complejo (Leg6.6.10), indicando que el aumento del Le para modelar el ag causa poca distinción en los estimados de heredabilidad entre modelos. Al comparar el porcentaje de variación en la forma de la curva de lactancia entre animales explicado por los diferentes órdenes de polinomios, se observó que para la parte aditiva, los tres primeros polinomios explicaban el 98 % del total de la variación genética, mientras que para la parte ambiental, los cuatro primeros polinomios explicaban el 99% del total de la variación del ambiente permanente. **Conclusión:** El modelo Leg3.4.10 permitió un mejor ajuste para describir las PLDC en datos analizados en vacas Lucerna.

Palabras clave: ajuste, Lucerna, regresión aleatoria.

Keywords: fit, Lucerna, random regression.

Parámetros genéticos para la producción de leche en el día de control mediante el uso de modelos de regresión aleatoria

Genetic parameters for test day milk yield using random regression models

Jorge L López Martínez, Zoot, MSc(c); Luis G González Herrera¹, MVZ, PhD.

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Colombia.

E-mail: jollopezma@unal.edu.co

Introducción: Los Modelos de Regresión Aleatoria (RRM) son los más apropiados para la evaluación genética del ganado lechero. **Objetivo:**