

# BAG. Journal of basic and applied genetics

versión On-line ISSN 1852-6233

BAG, J. basic appl. genet. vol.28 suppl.1 Ciudad Autónoma de Buenos Aires oct. 2017

## COMUNICACIONES LIBRES

### Genética y mejoramiento animal

GMA 4

#### MAPEO DE LA REGIÓN GENÓMICA ASOCIADA A LA PRESENCIA/AUSENCIA DE CUERNOS EN BOVINOS CRIOLLOS ARGENTINO

Ortega Masague M.F.<sup>2</sup>, A. Falomir Lockhart<sup>1</sup>, M.E. Zappa<sup>1</sup>, P. Peral García<sup>1</sup>, F.D. Holagado<sup>2</sup>, G. Giovambattista<sup>1</sup>.

<sup>1</sup> IGEVET (UNLP-CONICET);

<sup>2</sup> Instituto de Investigación Animal del Chaco Semiárido (IIACS), INTA Leales.

E-mail: [guillermogiovambattista@gmail.com](mailto:guillermogiovambattista@gmail.com)

El bovino Criollo Argentino se caracteriza por la presencia de cuernos, sin embargo es común la aparición de animales romos. En otras razas taurinas esta característica ha sido mapeada en el extremo centromérico del cromosoma 1. En la Estación Experimental del INTA Leales (Leales, Tucumán) se han seleccionado animales sin cuernos. Es por esta razón que el objetivo del presente trabajo consistió en mapear la región cromosómica involucrada en la presencia/ausencia de cuernos en la raza criolla argentina mediante un estudio de GWAS, utilizando un modelo de caso control. Para ello se genotiparon 65 animales (39 machos y 26 astados) con un *microarray* de SNPs de alta densidad (640 K). La comparación entre las frecuencias genéticas de los dos grupos se llevó a cabo mediante el método exacto de Fisher utilizando el programa Plink c1.07. Los resultados obtenidos evidenciaron 77 SNPs estadísticamente significativos ( $P < 9 \times 10^{-7}$ ), los que se localizaban principalmente en una región de 4,19 Mb (1,23-5,43 Mb). Dicha región incluye 31 genes, incluyendo el gen IFNGR2. Estos resultados concuerdan con lo reportado para otras razas bovinas. Dado que varias mutaciones causales han sido propuestas en diferentes razas, estudios adicionales son necesarios para determinar si la ausencia de cuernos en el bovino criollo es consecuencia de una mutación independiente, o es causada por una alguna de las mutaciones reportadas.

GMA 5