

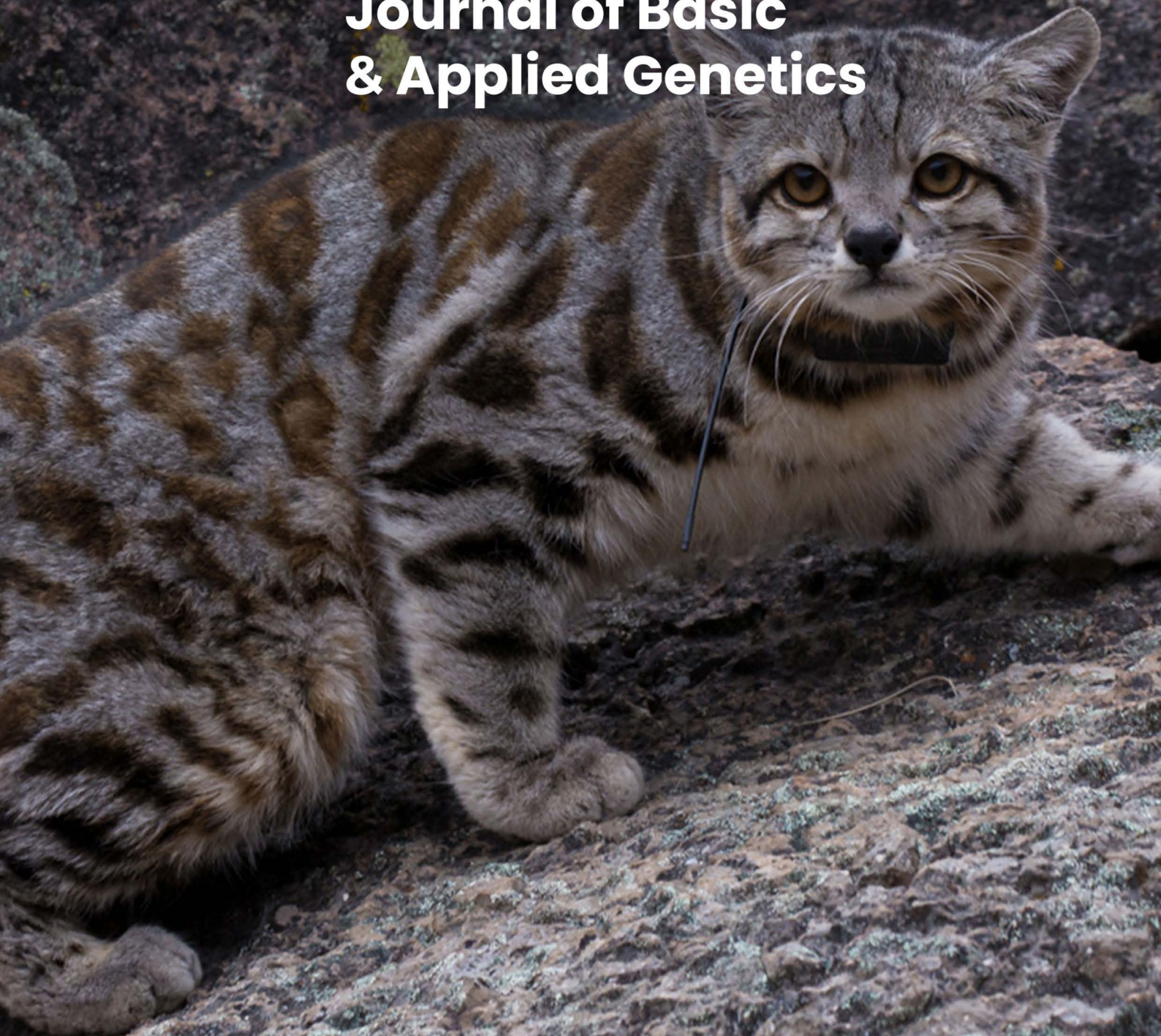
(Formerly MENDELIANA)



July 2019  
Volumen XXX  
No. 1 (suppl.)  
E-ISSN: 1852-6322

# BAG

**Journal of Basic  
& Applied Genetics**



**Journal of the Argentine Society of Genetics**  
Revista de la Sociedad Argentina de Genética

[www.sag.org.ar/jbag](http://www.sag.org.ar/jbag)  
Buenos Aires, Argentina





# BAG

## Journal of Basic & Applied Genetics

V. XXX - No. 1 (suppl.)

October 2019

Included in:



Cited by:





**ALAG**  
MENDOZA,  
ARGENTINA **2019**

**La arquitectura  
del genoma:  
su expresión en  
los fenotipos  
y las poblaciones**

**6 AL 9 DE OCTUBRE DE 2019**

**XVII CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA  
XLVII CONGRESO ARGENTINO DE GENÉTICA  
LII REUNIÓN ANUAL DE LA SOCIEDAD DE GENÉTICA DE CHILE  
VI CONGRESO DE LA SOCIEDAD URUGUAYA DE GENÉTICA  
V CONGRESO LATINOAMERICANO DE GENÉTICA HUMANA  
V SIMPOSIO LATINOAMERICANO DE CITOGENÉTICA Y EVOLUCIÓN**

## Organizadores



**V SLACE**

y el cromosoma Y identificaron dos únicos patrilinajes que apoyan un co-ancestro de guanaco-llama y vicuña-alpaca, sin evidencia de haplotipos compartidos entre ellos. Estos datos proporcionaron el respaldo de que las llamas se derivaron de poblaciones septentrionales de guanacos (*L. g. cacsilensis*). Los análisis del patrón de variación de *MC1R* y *ASIP* mostraron una fuerte selección de colores de capa durante el proceso de domesticación. Sustituciones en estos genes claramente segregó silvestres de domésticos, pero no pudo diferenciar las especies domésticas debido al alto grado de introgresión recíproca. Más recientemente, nuestro análisis de 56 genomas ha brindado una perspectiva más amplia del proceso de domesticación e introgresión en los camélidos sudamericanos. Nuestro trabajo continúa aumentando nuestra comprensión del proceso de selección y divergencia en estas especies, además de aumentar nuestra comprensión de los patrones de hibridación entre especies domésticas y silvestres en general. Otros estudios nos permitirán identificar qué partes del genoma se han visto afectadas por la hibridación y ayudarán a definir las unidades de manejo y las unidades de importancia evolutiva de estas especies de gran importancia ecológica y económica.

### A GENÔMICA MELHOROU A CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS?

Rezende Paiva S.<sup>1</sup>.<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Prédio Conservação Germoplasma, Laboratório Genética Animal, Brasília, DF, Brasil. samuel.paiva@embrapa.br

No reino animal, as raças de animais domésticos de produção estão na vanguarda da geração de dados genômicos, com exceção da espécie humana. Genomas completos das principais espécies foram praticamente concluídos. Atualmente, apenas em gado de leite, mais de três milhões de animais foram genotipados para diversos chips de marcadores SNPs (Polimorfismos de base única). Mesmo com esse volume admirável de dados, segundo a FAO, a América do Sul e Caribe são as regiões do mundo que menos conhecem seus recursos genéticos animais (RGA). A FAO promoveu, por quase 15 anos, uma recomendação para que os países realizassem uma genotipagem massiva de seus RGA com uma lista predeterminada de locos de microssatélites (STRs). Vários países realizaram esse esforço, mas poucas equipes, em geral europeias, conseguiram analisar estes resultados de forma integrada e holística integrando diferentes bancos de dados. Hoje, com os marcadores SNPs, é uma realidade que os genótipos dos animais, obtidos por diferentes eventos de genotipagem, podem ser comparados de forma muito mais simples e com grau de confiabilidade muito maior. Contudo, o mesmo erro do passado com marcadores microssatélites não pode ser repetido, isto é, a caracterização genética não deve ser apenas para estimar parâmetros básicos de diversidade, mas sim com objetivo de subsidiar o enriquecimento de Bancos Genéticos (conservação *ex situ*) e para identificação de características de interesse econômico/cultural que possam dar aos RGA *in situ* diferenciais de produção que estimulem cada vez mais o uso *in situ*.

### RECURSOS LOCALES ANTE LA CATÁSTROFE: EL CASO DE LA CABRA CRIOLLA NEUQUINA

Lanari M.R.<sup>1</sup>, P. Losardo<sup>2</sup>, M.J. Pérez Centeno<sup>3</sup>. <sup>1</sup>INTA EEA Bariloche, Argentina; <sup>2</sup>Subsecretaría de Agricultura Familiar; <sup>3</sup>INTA IPAF Patagonia, Argentina. lanari.mariarosa@inta.gob.ar

La Cabra Criolla Neuquina y su sistema rural han sido caracterizados integralmente por más de 20 años. Como parte de las estrategias de puesta en valor de la Raza, se creó un Banco Activo de Germoplasma en el sur de Río Negro en 1998. La producción de este ható de CCN ha sido registrada desde entonces. En el año 2011 la erupción del Volcán Cumbre Puyehue tuvo efectos catastróficos sobre esta área. Mientras que en la zona se produjo una mortalidad de hasta 70% de los animales, las CCN atravesó estos eventos sin mayores consecuencias. La profunda crisis social y ambiental puso en riesgo la seguridad alimentaria y el arraigo de la población rural en la región afectada. Una de las estrategias para aliviar esta situación fue la entrega de cabras Criollas Neuquinas. El conocimiento de sus capacidades productivas y su resiliencia fueron clave, así como un equipo de trabajo multidisciplinario y la consideración del contexto social y de las capacidades locales de organización. El impacto de la experiencia mostró que casi la totalidad de los pobladores estaban satisfechos, se mejoró la alimentación de las familias y obtuvieron beneficios económicos. Ante los eventos de este tipo general se apela a la introducción de razas exóticas sin considerar el contexto, en ese sentido esta experiencia ha sido novedosa. Se demuestra la importancia de la caracterización integral de los recursos locales, habiéndose validado todas sus aptitudes productivas. La experiencia se ha escalado en otros tres parajes de la zona y las familias han continuado diversificando su producción.