

**INVESTIGACIÓN SELECCIÓN MEDIANTE MODELOS GENÓMICOS Y  
POLIGÉNICOS PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE LOS BOVINOS DE  
LECHE EN EL TRÓPICO ALTO DE NARIÑO**

**PROYECTO PRESENTADO AL FONDO DE CIENCIA, TECNOLOGÍA E  
INNOVACIÓN DEL SISTEMA GENERAL DE REGALÍAS**

**UNIVERSIDAD DE NARIÑO, UNIVERSIDAD DE LA FLORIDA (ESTADOS  
UNIDOS) – COOPERATIVA DE PRODUCTOS LÁCTEOS DE NARIÑO  
COLÁCTEOS**

**San Juan de Pasto, Colombia 2013**

## 1. INFORMACIÓN GENERAL DEL PROYECTO

<b>Título del proyecto: “SELECCIÓN MEDIANTE MODELOS GENÓMICOS Y POLIGÉNICOS PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE LOS BOVINOS DE LECHE EN EL TRÓPICO ALTO DE NARIÑO”.</b>		
<b>Entidad proponente:</b>	Universidad de Nariño	
<b>Entidad beneficiaria:</b>	Colácteos	
<b>Entidad ejecutora:</b>	Universidad de Nariño	
<b>Otras instituciones participantes:</b>	Universidad de la Florida (Estados Unidos)	
<b>Duración del proyecto:</b>	48 meses	
<b>Costo total del proyecto:</b>	\$ 4.726.557.897	
<b>Monto solicitado:</b>	\$ 3.995.757.897	
<b>Monto total de la contrapartida:</b>	\$ 730.800.000	
<b>Contrapartida de la entidad beneficiaria:</b>	<b>En efectivo</b>	<b>En especie</b>
		\$ 226.800.000
<b>Lugar de ejecución del proyecto:</b>	<b>Ciudad:</b>	<b>Departamento:</b>
Distritos lecheros: Pasto, Pupiales y Guachucal.	Pasto	Nariño
<b>Persona responsable del proyecto:</b>	<b>Empresa/Institución:</b>	<b>Cargo:</b>
Carlos Solarte Portilla	Universidad de Nariño	Docente Investigador, adscrito al Departamento de Producción y Procesamiento Animal

## **2. DESCRIPCIÓN DEL PROYECTO**

### **2.1. RESUMEN DEL PROYECTO**

El presente proyecto, estructurado conjuntamente por la Universidad de Nariño y la Universidad de La Florida (Estados Unidos), en alianza con la Cooperativa de Productos Lácteos de Nariño ( Colácteos), tiene por objeto mejorar genéticamente los bovinos de leche, mediante la selección de los reproductores de mayor mérito genético, utilizando técnicas avanzadas que permiten estimar con mayor confiabilidad, en menor tiempo y a más bajo costo los efectos genéticos, bajo las condiciones propias de la región Andina nariñense.

En la búsqueda de este propósito se partirá de los resultados obtenidos en fases previas cumplidas entre los años 2007 y 2011, en las que se sistematizó los datos genealógicos, fenotípicos y moleculares procedentes de 290 fincas localizadas en 14 municipios del departamento de Nariño, lo cual permitió caracterizar de forma general los sistemas de producción de leche, crear el primer sistema de información con fines de evaluación genética, estandarizar las técnicas para realizar análisis moleculares, valorar genéticamente la población bovina a través del uso de modelos lineales multicarácter y seleccionar un primer núcleo constituido por animales con mérito genético superior para las características que requieren mejorarse en la zona.

Con el fin de afianzar, acelerar y lograr mayores impactos por efectos de la selección genética, se requiere continuar con la recolección y sistematización de datos fenotípicos de los hatos lecheros y realizar las evaluaciones mediante modelos genómicos, los cuales ofrecen ventajas teóricas para la selección de reproductores, pero que por su reciente desarrollo aún no se han estudiado en esta región, por lo que necesario aplicarlos y establecer comparaciones con los modelos poligénicos convencionales, tradicionalmente utilizados en las evaluaciones genéticas.

En consideración al conocimiento obtenido en estudios anteriores, respecto a la estructura y tamaño de la población, para la implementación de las evaluaciones genómicas en Nariño se requiere genotipificar en el primer año, al menos 2.600 bovinos lecheros, entre los que se incluyen hembras y machos nacionales e importados de diversos países como Estados Unidos, Canadá, Francia, Holanda, Nueva Zelandia, mediante la utilización de chips de SNPs para conocer los polimorfismos de un solo nucleótido en la cadena de ADN y su relación con las características de los bovinos lecheros en esta región.

Para estimar con mayor precisión los factores genéticos y ambientales, la muestra se dividirá en dos grupos: el uno estará constituido por el 30% del total de animales que conforman la muestra, dentro de los cuales se incluyen los individuos nacidos en la primera generación seleccionada en el trópico alto de Nariño en estudios anteriores y

otros que, según los mismos estudios, poseen mayor potencial genético; este grupo se genotipificará usando chips de alta densidad (80.000 SNPs distribuidos a lo largo del genoma). El otro grupo que representa el 70% de la población, será genotipificado con chips de menor densidad (20.000 SNPs). De esta manera, además de realizar las evaluaciones, se identificará con mayor confiabilidad la estructura genética de la población.

Para obtener la información genómica, se extraerá muestras de ADN de cada animal en el Laboratorio de Mejoramiento Genético de la Universidad de Nariño, las cuales se remitirán a un laboratorio especializado en los Estados Unidos, donde se determinará los SNPs existentes en cada individuo, a lo largo de su genoma, en correspondencia con el tamaño del chip. Paralelamente, de cada finca se recolectará, cada dos meses, en el día de control, los datos de producción individual de leche, los porcentajes de proteína y grasa y el recuento de células somáticas. Adicionalmente, por una sola vez, se llevará a cabo la clasificación lineal de machos y hembras que se encuentren aptos para someterse a este procedimiento, según el criterio de los clasificadores. Semestralmente se informará a los ganaderos los resultados en cuanto a los valores fenotípicos de las variables antes anotadas, acompañados de las recomendaciones generales a que hubiere lugar para cada animal y para cada hato.

Se prevé que al finalizar el primer año, se habrá sistematizado la suficiente información genómica y fenotípica para realizar las evaluaciones bajo los siguientes modelos: a) modelos totalmente genómicos, con el fin de identificar los SNPs de las regiones del genoma con efecto relevante sobre las características de importancia en el Trópico Alto de Nariño; b) genómicos-poligénicos, que combinan la información de las matrices de parentesco genómico y parentesco genético aditivo; c) poligénicos convencionales donde se incluirá únicamente la matriz de parentesco, sin datos moleculares; d) modelos poligénicos no lineales, también llamados “del día de control”, los cuales posibilitan estimar el valor genético en cualquier punto de la curva de lactancia, gracias a las propiedades teóricas de la regresión aleatoria.

Este esquema se repetirá por los siguientes tres años durante el desarrollo del proyecto, lo que implica genotipificar 500 crías adicionales por cada año, con lo que se constituirá una sólida base para que sea garantizada la continuidad del proceso durante varias generaciones, hasta constituir una población con las características productivas y de conformación anatómica ideales para esta zona de Colombia, en concordancia con los objetivos de selección ya establecidos, que indican la necesidad de enfatizar la selección en los porcentajes de grasa y proteína, la fortaleza y el sistema mamario.

Una vez realizada la valoración genética, los machos de mayor mérito se difundirán intensivamente en todas las fincas de la cuenca lechera de Nariño, a través del uso de la inseminación artificial, con apareamientos dirigidos, en procura del mayor progreso genético de los rasgos de interés y con estricto control de la consanguinidad. Igualmente se constituirá un núcleo elite con el 1% superior de las hembras, las cuales

se someterán a multiovulación, obtención y transferencia de embriones, con sujeción a la normatividad establecida para estos propósitos en Colombia. El 50% de los embriones aptos para ser transferidos se utilizarán en la misma finca del animal donante, previa garantía de disposición de receptoras que cumplan con los requisitos establecidos para ser consideradas como tales; el 50% restante se distribuirá entre los ganaderos de la región, que dispongan de todas las condiciones necesarias para criar correctamente animales de este núcleo élite.

Con este esquema selectivo se estima un mejoramiento por generación no inferior al 5% de la media de cada característica, tomando como población base las vacas que inicien lactancia en el primer año de ejecución del presente proyecto, siempre y cuando el manejo genético sugerido, de acuerdo con los resultados de esta investigación, esté ligado a un adecuado manejo nutricional, sanitario y reproductivo, con lo que se aportará a los ganaderos un elemento tecnológico clave, apropiado y eficaz para superar, de modo paulatino y sostenido, los problemas estructurales de la ganadería de leche nariñense, específicamente la carencia de un programa de mejoramiento genético, acorde con la realidad ambiental y económica de la región.

Con la ejecución del presente proyecto se fortalecerá la capacidad tecnológica de la región para ofrecer soluciones que contribuyan a superar problemas estructurales de la producción láctea en el departamento de Nariño. Además, se generará nuevo conocimiento a través de la investigación, el cual puede resultar útil y valioso para comunidades científicas nacionales e internacionales. Se robustecerá la cooperación académica con instituciones internacionales de reconocido prestigio, tanto en el intercambio de experiencias como en la publicación conjunta de resultados y la formación de jóvenes investigadores. Todo esto facilitará el cumplimiento de las labores misionales de la Universidad de Nariño, por cuanto los resultados del proyecto esperan aportar elementos útiles en la docencia, la investigación y la proyección social.

## 2.2. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

En Colombia, la producción especializada de leche se concentra en los departamentos de Antioquia, Cundinamarca, Boyacá y Nariño; en este último es una de las actividades económicas más importantes, de la que dependen directamente millares de familias y representa el 23% de su PIB total y el 43% de su PIB Agrícola (Viloria 2007).

En la zona andina de Nariño se distinguen dos subregiones lecheras, una ubicada en el municipio de Pasto y sus alrededores y otra compuesta por 14 municipios, entre los que se destacan Pupiales, Guachucal, Cumbal, Túquerres e Ipiales, por el número de animales y volumen de producción. En conjunto, los hatos allí existentes, producen más de 800 mil litros diarios, la mayor parte de ellos en pequeñas fincas ganaderas que no superan las 10 hectáreas (Zambrano et al 2012).

En toda la región, independientemente del tamaño de los hatos, se evidencian varios problemas que afectan la productividad, eficiencia y competitividad de los sistemas especializados en producción de leche, muchos de los cuales se requiere afrontar a partir de procesos de investigación que consideren las particularidades de esta zona, en cuanto localización geográfica, clima, topografía e incluso condiciones socioeconómicas y culturales, con el propósito de determinar las características de los animales y su manejo, que respondan con la mayor eficiencia posible en estos ecosistemas.

Conscientes de esa necesidad, en el año 2007 se constituyó una alianza entre la Universidad de Nariño y la Cooperativa de Productos Lácteos de Nariño – (Colácteos), tendiente a desarrollar algunos proyectos que, una vez ejecutados, permitieron determinar las fortalezas y debilidades estructurales, relacionadas con la nutrición, la reproducción y el manejo genético, entre otras (Solarte y Zambrano, 2012).

En el caso concreto del manejo genético, es necesario tener en cuenta que la expresión de la mayoría de rasgos relacionados con la producción animal obedece a una compleja acción de factores hereditarios y ambientales, la cual ha llevado a desarrollar métodos para realizar evaluaciones genéticas con fines de selección, los que han evolucionado notablemente para estimar con mayor confiabilidad el efecto de cada uno de estos factores.

A pesar de que, desde hace mucho tiempo, en casi todas las regiones ganaderas de Colombia, incluyendo Nariño, se conoce la importancia de los genes y el ambiente, el mejoramiento genético animal se ha concebido equivocadamente como la simple utilización de tecnologías reproductivas, por lo que se cree que el uso de semen y embriones procedentes del extranjero conducen, de modo inmediato y automático, a mejorar genéticamente las poblaciones animales. Igualmente, existen otras apreciaciones también equivocadas, según las cuales, la utilización de cruzamientos entre diversas razas es la vía más eficaz de manejo genético; en otros casos se ha pretendido solucionar los problemas de baja productividad con la sustitución de una raza

por otra, aún en contra de experiencias a nivel mundial según las cuales ninguno de esos procedimientos resulte eficaz para resolver de fondo problemas que involucran un alto componente genético.

Estas circunstancias han conducido, durante muchos años, a la utilización de animales seleccionados en otros países con ambientes totalmente distintos a la región Andina de Nariño, cuyos objetivos de mejoramiento corresponden a tales condiciones, lo que ha traído como consecuencia la formación de una población compuesta por animales que, en muchos casos, tienen demandas ambientales superiores a las que el medio puede ofrecerles, hecho que ha contribuido al incremento del descarte involuntario, disminución de la vida útil, aumento de enfermedades principalmente respiratorias, reproductivas y del sistema mamario, al igual que bajas concentraciones de sólidos totales en la leche, afectando así a todos los eslabones de la cadena láctea.

Situaciones como estas han sido detectadas en muchos lugares del mundo, por lo que han decidido utilizar programas de selección genética acordes con las necesidades específicas de cada país o región, teniendo en cuenta que la selección es la única posibilidad de garantizar progreso acumulativo generación tras generación con impacto en una cantidad ilimitada de fincas, a diferencia de los procesos que mejoran el ambiente, los cuales, si bien en muchas ocasiones generan cambios favorables, apreciables en corto tiempo, tienen carácter transitorio y sus impactos se limitan a las fincas que tengan la posibilidad de implementarlos, ya sea a través de modificaciones o innovaciones que mejoren el ambiente nutricional o cualquier otro factor no heredable.

Si bien las ventajas e impactos del mejoramiento genético a través de la selección son reconocidas en todo el mundo es necesario señalar que en especies con intervalo generacional prolongado, como los bovinos, el progreso aunque acumulativo es lento y relativamente costoso, razón por la cual los esfuerzos de los investigadores en los últimos años se han enfocado en el desarrollo y perfeccionamiento de métodos que permitan realizar la selección en menor tiempo y a más bajo costo.

Producto de estos esfuerzos, dados los avances científicos y tecnológicos, en la actualidad, el ganado de leche y otras especies animales se evalúan genómicamente con marcadores moleculares de alta densidad donde que permiten analizar miles de polimorfismos de ADN de un solo nucleótido (SNPs) y sus relaciones con los rasgos productivos, anatómicos, reproductivos y de salud, disminuyendo notablemente el tiempo requerido para identificar los individuos genéticamente superiores, con lo cual se abaratan los costos y se acorta el intervalo generacional, logrando mayor ganancia genética por cada generación seleccionada. Estos avances, junto con la utilización en gran escala de las biotecnologías reproductivas, como la inseminación artificial, la multiovulación y la transferencia de embriones facilitan una mayor difusión del material genético selecto e incrementa el impacto de los programas de mejoramiento.

La selección genómica se inició hace pocos años en los países industrializados y con larga tradición en el campo del mejoramiento genético, aunque algunos países de

Latinoamérica han incursionado en este campo, pero en Colombia no existe aún un buen grado de desarrollo, por lo que es necesario su fortalecimiento, con el fin de que el país y sus regiones dispongan de las tecnologías más avanzadas que ofrecen un alto potencial para mejorar la producción especializada de leche.

En el departamento de Nariño, la única experiencia en mejoramiento genético es la ejecutada dentro de la alianza Universidad de Nariño – Colácteos, gracias a lo cual fue posible construir el primer sistema de información con fines de evaluación genética, estandarizar los procedimientos para obtener y conservar ADN, caracterizar molecularmente las razas bovinas de leche predominantes de la cuenca lechera nariñense, estimar por primera vez los parámetros genéticos para la región, definir los objetivos y criterios de selección en concordancia con las necesidades propias de la zona, valorar genéticamente la población bovina de Nariño mediante la utilización de modelos lineales multicarácter, identificar animales y hatos con el mayor potencial genético para mejorar dichos rasgos y utilizar las biotecnológicas reproductivas, para difundir un pequeño núcleo de individuos de alto valor reproductivo.

Esta experiencia acumulada ha posibilitado que los principales actores de la cadena láctea del departamento de Nariño, tanto públicos como privados, reconozcan la importancia que tiene la consolidación de un programa de mejoramiento genético mediante la continuidad del proceso selectivo ya iniciado con el fin de alcanzar el máximo provecho de los resultados obtenidos en las fases ya ejecutadas e incorporar elementos de innovación tecnológica como los modelos genómicos, para identificar los animales genéticamente superiores, con mayor confiabilidad y en menor tiempo, los que luego se difundirán en las fincas dedicadas a la producción de leche de la zona andina de Nariño. De esta manera, la región estará en condiciones de utilizar técnicas más avanzadas de mejoramiento genético, además de generar nuevo conocimiento de interés para las comunidades científicas nacionales e internacionales.

Por los motivos antes expuestos, con el desarrollo de la presente propuesta se pretende, a través de la investigación y el desarrollo tecnológico derivado de la misma, consolidar un programa de mejoramiento genético acorde con las condiciones y necesidades específicas de los productores de leche del departamento de Nariño, como elemento fundamental que contribuya al incremento de la productividad y competitividad de la ganadería regional, al utilizar procedimientos y técnicas avanzadas con el fin de seleccionar material genético superior, para ser difundido a través del uso masivo de la inseminación artificial y la conformación de núcleos élite con los animales de máximo valor genético, los cuales se multiplicarán mediante la utilización de las técnicas de multiovulación y transferencia de embriones, en los hatos cuyas condiciones lo permitan, hecho particular que abrirá grandes posibilidades para ampliar el horizonte, en el mediano plazo, respecto a nuevos desarrollos tecnológicos y el diseño de otras estrategias de manejo genético, como la evaluación y selección de poblaciones multirraciales aptas para la región.

Paralelamente, como producto de la investigación se generará conocimiento nuevo de utilidad para las comunidades científicas nacionales y extranjeras, debido a que será



posible responder la pregunta respecto a las ventajas y desventajas de los modelos genómicos frente a los modelos poligénicos lineales y no lineales. Igualmente se fortalecerá la capacidad científico-tecnológica del departamento de Nariño, se dispondrá de la primera población bovina de referencia para futuros trabajos genómicos, se contribuirá a la formación de talento humano, especialmente de jóvenes investigadores, se robustecerá la acción académica conjunta con universidades internacionales de reconocido prestigio vinculadas a este proyecto y se afianzará las labores misionales de la Universidad de Nariño en docencia, investigación y proyección social.

## **2.3. ESTADO DEL ARTE**

### **2.3.1. Evaluaciones Genéticas**

Diversos investigadores en ciencias pecuarias coinciden en afirmar que el mejoramiento genético es la herramienta de mayor impacto en los sistemas de producción animal, especialmente en los países industrializados. El éxito de los programas de mejoramiento históricamente se ha fundamentado en el estricto control de la producción, lo cual permite construir sistemas de información con datos correspondientes a las variables productivas, reproductivas y sanitarias, además de las genealogías cuidadosamente registradas por varias generaciones (Montaldo y Barría, 1998; San Primitivo Tirados, 2001). De esta manera, se han propuesto diversos modelos, desde muy simples como la comparación madre- hija, hasta los de regresión aleatoria, pero con el mismo propósito, es decir separar y cuantificar la influencia de los factores genéticos y ambientales, lo que en teoría hace posible identificar los animales por su mérito genético.

Los modelos de evaluación genética, asumen que las características relacionadas con la producción animal, en todas las especie, tienen un efecto poligénico aditivo y una gran influencia ambiental. Con base en este supuesto, la constante evolución que han experimentado los modelos se basa en la búsqueda de mayores niveles de confiabilidad para estimar los parámetros y valores genéticos.

En las dos últimas décadas del siglo XX el modelo animal se impuso sobre los preexistentes, gracias a sus propiedades estadísticas y al avance explosivo en el área de la informática y la computación, puesto que facilitaron el desarrollo de poderosos algoritmos y equipos de computación capaces de resolver los complejos sistemas de ecuaciones generadas por este modelo. Con el paso del tiempo, el modelo animal unicarácter sirvió de fundamento el desarrollo de otros modelos aún más complejos, como los denominados del día de prueba o del día de control, cuyo principio básico consiste en asumir que el efecto de la variable días en leche es aleatorio y por tanto puede evaluarse a lo largo de la trayectoria de la curva de lactancia (Verde, 2008), lo que implica utilizar funciones conocidas que describan la variabilidad de las covarianzas

entre los días de prueba, asumiendo que cada observación y en cada animal, se puede regresar en otras variables independientes (Santellano *et al* 2010).

Si en el modelo los animales son tratados en forma aleatoria, los coeficientes de regresión asociados a cada animal se tratan de la misma forma, razón por la cual fueron denominados modelos de regresión aleatoria – MRA. (Henderson, 1982; Laird y Ware 1982). Jamrozik *et al* 1997 propusieron utilizar estos modelos para evaluar genéticamente en ganado lechero, considerando las facilidades que podrían presentarse por el uso irrestricto de toda la información de registros disponible tomada a cualquier longitud de intervalos de tiempo, sin que sea necesario esperar la terminación de la lactancia, como lo exigía el modelo animal.

La gran ventaja de estos modelos no lineales es que permiten estimar parámetros y valores genéticos en cada etapa de la lactancia, facilitando diferenciar cambios en la varianza genética que ocurren a través de este período en diferentes momentos de la curva y predicciones de valor genético con mayor exactitud, lo que a su vez tiene un importante aplicación práctica, por cuanto es posible seleccionar animales con base en persistencia de la curva de lactancia.

La utilización de modelos lineales y no lineales ha sido la base para evaluar y seleccionar los animales, según su mérito genético en los países desarrollados, lo que les ha permitido cubrir las demandas nacionales e incursionar en mercados internacionales, cubriendo prácticamente todo el mundo y todas las especies animales de interés productivo, hecho que ha contribuido a expandir el uso de animales genéticamente superiores, pero seleccionados en condiciones distintas a las de los países donde se difunden como reproductores y con criterios y objetivos propios de cada país, los cuales no necesariamente coinciden con los requeridos en zonas específicas, como por ejemplo las regiones tropicales.

Esta situación ha obligado a que en varios lugares se establezcan programas de mejoramiento diseñados con propósitos particulares y bajo condiciones ambientales que corresponden a las especificidades de cada país. Sin embargo, en Colombia el desarrollo investigativo y aplicado en cuanto a mejoramiento genético es aún muy incipiente. A este respecto, Elzo (2011) asegura que la única población de bovinos en Colombia que se evalúa genéticamente, de manera sostenida y con alta exactitud para muchos de sus animales es la cebú. Las evaluaciones de poblaciones regionales solo han sido realizadas por la Universidad de Antioquia con ganado holstein en el 2010 y por la universidad de Nariño con animales holstein, normando, pardo suizo, jersey y cruzamientos de holstein con estas cuatro razas también en el 2010.

El mismo autor señala que la experiencia y la infraestructura generada en las tres poblaciones antes mencionadas serán de enorme utilidad para desarrollar evaluaciones regionales y nacionales en Colombia. Para este propósito sugiere expandir los sistemas actuales de recolección de datos fenotípicos, crear centros regionales de análisis de dichos datos y diseminar la información, especialmente a través de internet.

Las evaluaciones genéticas realizadas en el trópico alto de Nariño, referidas por Elzo (2011), han utilizado los modelos poligénicos con los datos de lactancia completa, lo que obviamente implica recopilar los datos desde el primero hasta el último día de lactancia, lo que incrementa los costos de las evaluaciones y considerar en los modelos datos ajustados o corregidos por diversos efectos como la edad, el número de partos o los días en leche, entre otros, lo que conduce a pérdida de confiabilidad de los valores estimados, mientras que en los modelos de día prueba o control se toman cinco o más puntos a lo largo de la lactancia, lo que no sólo disminuye los costos, sino que se evita el uso de factores de corrección por los días en lactancia y se estima tanto los parámetros como el valor genético en cualquier punto de la curva.

Con la realización de este proyecto, estos modelos de regresión aleatoria se utilizarán por primera vez en la región, con lo que se producirá nuevo conocimiento en cuanto a las ventajas y desventajas de los mismos respecto a los genómicos y a los modelos lineales.

### **2.3.2. Evaluaciones Genómicas**

Como ya se mencionó, uno de los logros más importantes en la evaluación genética de individuos fue la incorporación de la información de un número infinito de genes (Efecto poligénico Infinitesimal) usando las relaciones de parentesco entre individuos (pedigrí) dentro del modelo clásico de evaluación. El modelo mixto y sus soluciones propuestas por Henderson (1975), abrieron una gran posibilidad para el desarrollo de la evaluación genética. Sin embargo, la eficiencia de este modelo para determinar el valor estimado de cría (EBV, del inglés Estimated Breeding Value), no permite establecer el genotipo ó regiones del genoma de los individuos que presentan un gran efecto en la mejora de las características, y mucho menos las combinaciones de alelos deseables que puedan portar (Goddard 2009).

Durante las últimas dos décadas, el uso de técnicas moleculares permitió identificar una serie de regiones del genoma con efecto significativo en la expresión de las características de interés económico ó QTL (del Inglés Quantitative Trait Loci). Con el uso de marcadores moleculares distribuidos a lo largo del genoma se ha detectado un gran número de QTL en diversas razas y poblaciones de bovinos lecheros en el mundo (Lagunato et al 2008; Kolbehdari et al 2009; Seidenspinner et al 2009; Maltecca et al 2009; Olsen et al 2008), identificando genes que potencialmente son directos responsables de las características, como es el caso del gen DGAT1 principal QTL detectado para la producción de leche en Holstein (Grisart et al 2002). A la fecha, una gran cantidad de regiones con genes que presentan un efecto significativo sobre las características de producción han sido detectadas. (<http://genomes.sapac.edu.au/bovineqtl>).

Con esta gran cantidad de información y la diversidad del genoma bovino, es claro que los esfuerzos por identificar regiones únicas del genoma con efecto significativo sobre

caracteres cuantitativos ha tenido un gran éxito a pesar de estar limitada por su gran complejidad.

En 2004 se creó el consorcio para la secuenciación y análisis del genoma bovino (The Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium et al 2009) y en 2009 publicó el primer borrador del genoma bovino, cuyo contenido de genes supera los 22000 e identificaron una gran cantidad de variaciones estructurales como duplicaciones y elementos repetitivos. Pero el resultado más significativo, desde el punto de vista productivo, fue la notable variabilidad en genes relacionados con la lactación y la respuesta inmune.

Estos resultados demostraron que el análisis de características cuantitativas presentaba una gran limitación en términos de trabajo por la gran cantidad de genes y comparación a realizar, y que los grandes esfuerzos aun eran insipientes en comparación a las posibles relaciones en los genes involucrados en la producción de leche. Por ejemplo, Bionaz et al (2012) recientemente encontraron que durante la lactación cerca de 6382 genes están diferencialmente expresados únicamente en tejido mamario. Si consideramos el bovino como todo un sistema, la interrelación entre todos los genes implicaría la realización de estudios independientes por cada uno de ellas.

El estudio conjunto del genoma con las características fenotípicas y el pedigrí, potencialmente podía tener grandes avances en la identificación de los animales con merito genético superior.

Los estudios de QTL incluían la información de pocos marcadores y su uso estaba restringido por las técnicas de identificación de marcadores informativos de una región de interés en el genoma. Los costos de un proyecto de detección de QTL no los hacía atractivos para todas las poblaciones hasta antes de 2008 (VanRaden et al, 2011),

La secuenciación del Genoma Bovino y el desarrollo de las técnicas moleculares para análisis a gran escala del genoma permitió el descubrimiento de una gran cantidad de información a un costo mucho menor respecto a las técnicas moleculares anteriores.

Para el año 2008, se empezó a comercializar un Chip de SNP para bovinos que podía establecer el genotipo de ~10000 SNP (del Ingles Single Nucleotide Polymorphism) distribuidos a lo largo del genoma. Este ejercicio representaba realizar el análisis conjunto de todos los trabajos previamente reportados sobre QTL en bovinos en un solo análisis. Para el año 2009 la cifra de SNP que se podían estimar era de 50000 (BovineSNP50 assay, Illumina Inc) y a la fecha, se encuentra disponible un chip que detecta 770000 SNPs (Matukumalli et al 2009).

Con estas herramientas, dos limitaciones para la evaluación genética de individuos estaban por desaparecer:

1. Los costos tanto en recursos como en trabajo se redujeron considerablemente y fue posible estimar el genotipo de un SNP para un individuo en menos de US\$ 0.01.
2. Las posibilidades de evaluar casi todos los genes presentes en los individuos en un solo análisis era real. Actualmente los Chips de SNPs se diseñan considerando su distribución uniforme a lo largo de genoma, y según la información disponible de la especie se puede evaluar mutaciones específicas que alteran las características.

### **2.3.2.1 De los QTL a Selección Genómica**

Diferentes estrategias fueron desarrolladas para incluir la información genómica en los procesos de selección de individuos. Fernando y Grossman (1998), propusieron una teoría para incluir marcadores moleculares en el modelo de evaluación genética (denominada MÁS del Inglés: Marker Assisted Selection). Sin embargo, algunos supuestos del modelo no cumplían con el comportamiento observado por los marcadores y limitaban su uso a un número determinado de ellos.

En un diseño experimental ideal, la información genética a incluir en un modelo debe ser aquella que refleje el efecto de la mutación causal de la característica, pero aunque en general se conocen QTLs que afectan las características, también se sabe que la mayoría de características de interés económico está influenciada por gran cantidad de genes (Bionaz et al, 2012). De este modo, si se incluye una pequeña cantidad de marcadores se espera explicar igualmente una pequeña fracción de la varianza genética. Dado esto, si un gen aporta solo una pequeña cantidad de información, y la característica depende de una gran cantidad de genes, una gran cantidad de información será necesaria para estimar de manera precisa sus efectos.

Meuwissen et al. (2001) propuso un modelo que permitiera tener en cuenta los supuestos que MAS no podía controlar. Si bien MAS solo permitía capturar una limitada cantidad de información de los marcadores, a partir de la varianza explicada por el QTL, así que propusieron dividir el genoma entero en bloques y estimar el efecto de cada bloque como un QTL. Este modelo fue denominado como Selección Genómica.

### **2.3.2.2 Selección Genómica.**

Para el año 2001, no estaban disponibles herramientas que permitían obtener una gran cantidad de marcadores y por tanto el modelo se planteó usando varios procedimientos de simulación. Sin embargo, con la aparición de los primeros chips de SNPs, este modelo fue validado y a la fecha es ampliamente usado en la evaluación genómica de individuos.

El modelo de selección genómica (SG) tiene como principales objetivos, en primer lugar, explotar el supuesto de Desequilibrio de Ligamiento (LD), el cual hace referencia a la

relación existente entre las frecuencias alélicas ó haplotípicas observadas una posición del genoma frente a otra (de Ross et al, 2008), y segundo, utilizar una gran cantidad de marcadores (SNPs especialmente) distribuidos a lo largo del genoma que están en LD con el QTL. De este modo, la suma de todos los efectos pequeños de los SNP permitirá predecir con mayor precisión los EBV al recuperar las combinaciones haplotípicas favorables para la característica en todo el genoma.

### **2.3.2.3 Ventajas y desventajas de la selección Genómica**

Los procedimientos a realizar en SG no difieren en gran medida a los usados en el método tradicional de selección, pero ambos coinciden en que a mayor cantidad de información fenotípica (registros de producción) disponible, mayores son los progresos genéticos (Schaeffer 2006).

La SG presenta algunas ventajas frente al modelo tradicional de evaluación genética:

El uso de SNPs en los individuos permite estimar el efecto del haplotipo mediante la suma de los efectos de cada uno de los SNPs incluidos. Asumiendo que el efecto del haplotipo es aditivo, la suma de los efectos de los SNPs corresponderá a los valores genómicos de cría estimados (GEBVs, del Inglés Genome-wide Estimated Breeding Values) los cuales además son generales para la población evaluada. Si se realiza el genotipado de la progenie y se estima el haplotipo en cada uno de los individuos, es posible estimar GEBVs en estos individuos con una correlación cercana al 0.78–0.85 si hubieran calculado con registros productivos (Schaeffer 2006). VanRaden (2008) encontró un incremento de 0.31 en la precisión de los valores genéticos para los toros jóvenes usando GS en comparación con el modelo tradicional.

El mayor beneficio de esta metodología radica en el incremento del progreso genético por efecto de una alta precisión de los valores de cría de los toros que serán usados en la siguiente generación. Además, para el caso de bovinos, donde el intervalo generacional es de aproximadamente 5-6 años, este puede reducirse si se determina el genotipo de los individuos al momento de nacer, tendrían alta precisión en sus valores genéticos y restaría esperar su óptimo fisiológico para ser utilizados como reproductores.

Una gran cantidad de estudios han sido publicados incorporando la selección genómica en la evaluación genética de individuos en las evaluaciones nacionales de países productores de leche (Harris y Johnson 2012; VanRaden 2008; Wiggans et al 2011; Segelke et al 2012). Todos los trabajos coinciden en que la aplicación de SG produce un incremento en la precisión de los valores genéticos obtenidos. Para producción de

leche el incremento de precisión puede oscilar entre 20 a 32 puntos para los toros jóvenes y la conformación general de 25 a 35 puntos.

Las características que han mostrado mayores incrementos en la predicción genómica han sido la producción de grasa y proteína con valores mínimos de incremento entre los 22 y 32 puntos, seguidos por algunas características de confirmación del animal como la ubre (17-35 puntos) o la profundidad del cuerpo (27 puntos).

Los mismos trabajos muestran que las características más favorecidas en la selección genómica son aquellas que presentan baja heredabilidad, lo cual representa un importante avance en la mejora genética de los animales pues se tiene un mayor control de los aspectos genéticos y se produce una mejor separación de los efectos ambientales que afectan las características productivas.

Hasta la fecha, la SG ha sido ampliamente probada a nivel mundial y se ha adoptado como nueva estrategia para la evaluación genética en ganado de leche (Hayes et al, 2009; Olson et al, 2011). Sin embargo, es necesario destacar algunas características que se deben tener en cuenta para realizar este procedimiento.

En primer lugar, los costos de implementación no permiten que cada productor emplee de forma rutinaria el genotipado de individuos para su incorporación en un programa de SG. Una solución a esta dificultad está en la formación de programas de selección que agrupe suficiente cantidad de productores para disminuir los costos de implementación (VanRaden et al, 2011).

Por otro lado, La implementación de SG requiere de un gran número de datos tanto fenotípicos como genotípicos. Al respecto Meuwissen et al, (2001) sugieren que tanto más registros fenotípicos como genotípicos se tenga en cuenta, mayor será la precisión de las estimaciones, y plantea que un tamaño de población de 2000 individuos con estimación de su haplotipo es requerido para obtener alta confiabilidad en el efecto estimado de cada SNP.

Finalmente, la selección de la cantidad de marcadores a utilizar depende de la población de interés. Como se mencionó anteriormente, SG explota la información del LD para la estimación de los efectos de los SNP. Según la estructura de la población, a menor LD mayor es la cantidad de SNPs a determinar y viceversa. Los estudios de Habier et al, (2009) y VanRaden et al (2013) sugieren que un limitado número de SNP puede proporcionar información suficiente para realizar SG y en caso de requerirlo, la imputación de SNP basados en LD hacia chips de mayor densidad puede mejorar las estimaciones. Los trabajos citados anteriormente sugieren el genotipado de toros reproductores y hembras elite con chips de SNPs de alta densidad (>50000 SNPs)

mientras que la restante población se puede genotipar con chips de menores densidades (entre 3000 y 50000 SNPs).

#### **2.3.2.4. Implementación de la selección genómica**

##### **Genotipado de individuos**

Desde la propuesta de Meuwissen et al, la literatura relacionada con SG suponía (y supone) el análisis de un conjunto de datos donde “exista un equilibrio entre el número de datos genotípicos y el número de fenotipos observados” (Hayes et al, 2009; Goddard 2009; Habier et al 2009). En la actualidad, este supuesto aun esta por validar, pues cada día se genera, de manera exponencial, nueva información genotípica con nuevos chips ó secuencias de genomas y únicamente un registro fenotípico por animal. Si el objetivo de la SG es incorporar la información genotípica de un individuo para estimar su GEBV, a medida que incremente el número de individuos en producción se espera también que incremente el número de individuos con genotipos (Wiggans et al, 2011).

El primer paso en la implementación de un programa de SG corresponde al genotipado de los individuos. En dependencia de la cantidad de individuos y las proyecciones a futuro, el diseño ideal sería genotipar todos los individuos existentes en la población (Goddard y Hayes 2007) lo cual es difícil de conseguir por costos inclusive para fuertes mercados productores de leche en el mundo (Wiggans et al 2011, VanRaden et al 2013).

El uso de chips con más de 3000 SNPs produce un incremento en las precisiones de los GEBVs. Por tanto, el primer paso es identificar todos los individuos que puedan representar todos los haplotipos existentes en la población y realizar su genotipado, en lo posible, con chips de alta densidad (Wiggans et al 2011; Schefers y Weigel 2012). En este grupo de individuos se incluiría toros con un número alto de hijas y las hembras elite, los cuales en teoría, representan la mayoría de haplotipos existentes en la población.

Posteriormente, se analizaran los restantes machos y hembras que aportan crías significativamente en la población con chips de menores densidades. Sus genotipos pueden ser relacionados con los de los reproductores elite para la imputación de SNPs a chips de altas densidades. No es de olvidar que este método no permite recuperar la precisión total de estima de efectos como si el genotipado se hubiere realizado con el chip de alta densidad (vanRaden et al 2011).



## El modelo de evaluación genómica

Diferentes modelos estadísticos han sido propuestos para la estimación de los efectos de los marcadores en la SG, pero todos ellos basados en el modelo de evaluación genética tradicional:

$$y = Xb + Zu + e$$

Donde  $y$  es el vector de registro fenotípicos,  $Xb$  es la media general,  $u$  contiene los efectos genéticos aditivos correspondientes al efecto de sustitución alélica de cada marcador, la suma de  $Zu$  corresponde a al vector de valores de cría y  $e$  es el vector de errores aleatorios.

El modelo como tal no implica cambios en su forma original pero visto desde una perspectiva lineal podemos separar los efectos del marcador:

$$y = \mu + \sum_{j=1}^k X_j g_j + e$$

donde  $y$  es el vector de registro fenotípicos  $\mu$  es la media general,  $\sum_j$  es la sumatoria sobre todos los marcadores,  $g_j$  es el coeficiente del marcador asociado al efecto de sustitución del alelo,  $X_j$  es la matriz de incidencia que indica el código del genotipo del respectivo marcador y  $e$  corresponde al vector de residuos.

El segundo termino en la ecuación hace referencia a la sumatoria de todos los efectos de sustitución alélica, es decir, la sumatoria sobre todos los marcadores de todos los efectos en presencia de un determinado alelo (Meuwissen et al, 2001). La clave en la diferencia de los modelos radica en el supuesto de distribución de la varianza del efecto del marcador.

En el modelo tradicional se asume que los valores de cría se distribuyen

$$V(u) \sim N(0, A\sigma_a^2)$$

Donde  $A\sigma_a^2$  relaciona el parentesco de los individuos (Modelo infinitesimal).

Mientras que en presencia de información de marcadores, estos se pueden distribuir como:

$$V(g) \sim N(0, I\sigma_g^2)$$

Donde  $I\sigma_g^2$  es la varianza de los efectos de los marcadores a través del genoma y puede ser empleada como información *a priori* si se hace restricción en el caso de efecto nulo del marcador sobre la característica.

Bajo estos puntos de vista, es posible emplear dos estrategias de análisis de los datos. La primera mediante la incorporación de la información genómica en el modelo lineal clásico y que se conoce como G-BLUP del Inglés Genomic Best Linear Unbiased predictor; la segunda es la utilización de modelos Bayesianos donde se incluye como información *a priori* la distribución de la varianza del marcador.

Actualmente, el método de selección genómica empelado por Interbull y la asociación Holstein de USA es el modelo G-BLUP, el cual ha demostrado ser robusto en diferentes escenarios, poblaciones y razas de bovinos lecheros.

### 2.3.2.5. G-BLUP y Métodos Bayesianos

El modelo BLUP (Henderson 1975) ha sido extensivamente usado en la evaluación genética de individuos desde varias décadas (VanRaden 2008) y usa como información genética las relaciones de parentesco de los individuos.

El G-BLUP difiere del tradicional BLUP en que la matriz de parentesco calculada como la relación directa de parientes (Henderson 1976) es reemplazada por un matriz simular pero calculada a partir de los marcadores moleculares asumiendo identidad por descendencia (Hayes et al 2009 b)

La matriz de parentesco a partir de marcadores moleculares puede ser calculada como describe VanRaden (2008):

$$\mathbf{G} = \frac{\mathbf{Z}'\mathbf{Z}}{2 \sum p_i(1 - p_i)}$$

Donde  $\mathbf{G}$  es la matriz de relación genómica,  $p_i$  es la frecuencia alélica de alelo y el denominador escala la matriz  $\mathbf{G}$  hacia la matriz de relaciones genéticas  $\mathbf{A}$ .

$\mathbf{Z}$  en este caso se construye con la información de los alelos presentes para cada SNP en cada individuo en la matriz  $\mathbf{M}$  e identificados como -1, 0 y 1 para el homocigoto, heterocigoto y homocigoto para el alelo alternativo respectivamente. Si a  $\mathbf{M}$  se resta  $2(p_i - 0.5)$  se obtiene  $\mathbf{Z}$ .

La solución  $\hat{\mathbf{u}}$  para los efectos de los marcadores  $\mathbf{u}$  ( $\mathbf{Z}\mathbf{u}$ ) se pueden obtener mediante procesos iterativos en los datos.

Un escalar  $\lambda$  es definido como la relación entre  $\sigma_e^2 / \sigma_u^2$  igual a la suma de las varianzas a través de los marcadores constituye la proporción de varianza genética aditiva  $\sigma_a^2$ .  $\mathbf{R}$  corresponde a la heredabilidad obtenida como la relación  $\sigma_e^2 / \sigma_a^2$ . Las soluciones para  $\hat{\mathbf{Z}\mathbf{u}}$  se obtienen:

$$\hat{\mathbf{a}} = \mathbf{Z}(\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}\mathbf{Z} + \mathbf{I}\lambda)^{-1}\mathbf{Z}'\mathbf{R}^{-1}(\mathbf{y} - \mathbf{X}\hat{\mathbf{b}})$$

Los valores estimados para  $\hat{a}$  asumen varianza común. La dificultad en este modelo, así como su análogo  $\alpha$  en BLUP, es la estimación del valor de  $\lambda$  el cual puede tener aproximación mediante máxima verosimilitud restringida o REML.

Si posteriormente se realiza el genotipado de un individuo, su valor genómico se estima como:

$$\text{GEBV} = \mathbf{Xg}$$

Donde  $\mathbf{X}$  es la matriz que relaciona el coeficiente de sustitución alélica y  $g$  corresponde a la soluciones para cada SNP.

Como se mencionó anteriormente, el modelo de evaluación genética tradicional emplea la matriz de parentesco como información genética de los individuos. Si la relación entre parientes es correcta y además se tiene una gran cantidad de individuos interconectados en el pedigrí (Se espera que tengan baja endogamia), las precisiones de los valores genéticos serán mayores.

Para SG, es posible diseñar una matriz que además de contener la información de relación genómica de los individuos tenga en cuenta la información de pedigrí (Legarra et al 2008). Esta nueva matriz es el resultado de una distribución conjunta de individuos con y sin genotipo y por tanto transmitirá las covarianzas establecidas entre todos ellos. Esto incrementa el valor genético de individuos sin genotipos por efecto de las mediciones y de la mejora en la calidad de la información genética de sus relativos genotipados.

Lo anterior implica que el paso de selección genética tradicional a selección genómica no tenga perdidas de información y recursos. La información previa de un programa de selección y evaluación genética se constituye en una base fundamental para el desarrollo, implementación y beneficios futuros de SG.

En los **Métodos Bayesianos**, como se mencionó anteriormente, el modelo permanece igual salvo que se considera la información a *priori* de la varianza de cada SNP.

Si los marcadores presentan un efecto pequeño en la característica o no están en LD con el QTL, su efecto puede ser llevado a 0, mientras que los marcadores que tengan un gran efecto sobre la característica o estén en fuerte LD con el QTL pueden ser informativos para la distribución a *priori* (Meuwissen et al, 2001; vanRaden 2008)

En la práctica, la estimación de los valores genéticos mediante modelos bayesianos es compleja debido a que no es posible estimar con total certeza la estructura de la distribución posterior de los parámetros ó como en este caso, los efectos de los marcadores (Hayes et al 2009).

Para resolver este problema, los métodos de selección genómica bayesianos emplean métodos iterativos basado en cadenas de Markov, muestreos de Gibbs o estimaciones sobre distribuciones probabilísticas desconocidas como Metropolis Hastings, los cuales extraen valores aleatorios de las distribuciones probabilísticas *a priori* con que se asumen los datos y buscan valores de solución que no superen un determinado valor umbral de diferencia, que generalmente oscilan entre 10e-8 y 10e-12 (Gianola et al, 2009)

Hasta la fecha se han sido reportados una gran cantidad de modificaciones al modelo bayesiano originalmente propuesto por Meuwissen et al (2001), los cuales coloquialmente se llaman modelos “Mickey mouse” y que modifican levemente la distribución *a priori* de los parámetros (SNPs para este caso).

Aunque se ha diseñado un alfabeto con los modelos propuestos (Gianola et al 2009), dos modelos llaman la atención en los bayesianos: Bayes A y Bayes B, ambos propuestos por Meuwissen et al.

Si la varianza de los efectos de cada marcador es diferente  $V(g_i) = \sigma_{g_i}^2$  esta debe ser estimada. La propuesta de Meuwissen et al fue que pocos marcadores podían tener un efecto fuerte sobre la características y muchos otros tenían un efecto pequeño (Bayes A). Así, la distribución que se espera debe concentrarse con muchos valores entorno a 0 y muy pocos en torno a 1.

La distribución que se asume es una Chi cuadrada invertida con  $\nu$  grados de libertad y  $S$  en el parámetro de escala así:

$$\sigma_{g_j}^2 \sim X^{-2}(\nu, S)$$

Si partimos de un valor  $X^{-2}(2,0)$  la distribución del prior es no informativa y los SNP con información tendrán una distribución  $g_i \sim N(0, \sigma_{g_i}^2)$  similar que en el BLUP. El reto es estimar los parámetros de la distribución que para el caso de los autores fueron  $X^{-2}(4.012, 0.002)$ . Los valores genéticos valores  $g_i$  se estiman realizan mediante muestreo de Gibbs sobre la distribución de los efectos de cada marcador.

Para Bayes B, ocurre la misma situación salvo que la distribución de los efectos de los SNPs depende del efecto del marcador. Los autores propusieron que si solo se considera marcadores informativos estos deben tener mayor ponderación en el modelo.

La distribución de los efectos de los SNPs corresponde a:

$$\sigma_{gj}^2 = 0 \text{ con probabilidad } \pi$$

$$\sigma_{gj}^2 \sim X^{-2}(v, S) \text{ con probabilidad } (1 - \pi)$$

Los supuestos de  $\pi$  que corresponde a si el marcador es o no informativo, conllevan a estrategias de muestreo un poco diferentes, pues la distribución conjunta de los efectos de los SNPs (que es Chi cuadrada invertida) y el parámetro  $\pi$  no es conocida. Las soluciones requieren de métodos como Metropolis-Hastings para muestreos de distribuciones probabilísticas desconocidas.

### **2.3.2.6. Razones fundamentales para utilizar evaluaciones genómicas en la ganadería de leche del trópico alto de Nariño.**

Como se ha mencionado a lo largo de este capítulo, en el modelo de evaluación genómica, la información fenotípica y genotípica de los individuos se constituyen en los predictores del efecto de los SNP en una población. Con esta información, los individuos sin información fenotípica pueden ser evaluados a partir de la información genética de sus parientes y el haplotipo de su genoma. Esta característica le confiere, en teoría, a la selección genómica notable superioridad sobre las evaluaciones genéticas tradicionales, debido a que la suma del efecto de miles de SNPs representa el potencial genético de un individuo. Así, un animal puede ser considerado como futuro reproductor con gran mérito genético desde el mismo momento que es genotipado, y puede ser seleccionado con alta confiabilidad para dejar descendencia desde su óptimo fisiológico.

Visto desde la perspectiva antes anotada, la ventaja de la selección genómica frente a los métodos tradicionales sería enorme, por lo cual una gran cantidad de países la han adaptado en la evaluación genética de sus poblaciones (Wiggans et al 2011). Las ventajas de estas nuevas evaluaciones se ven reflejadas en el incremento de la confiabilidad y la precisión de los GEBVs (valores genómicos estimados) y por tanto, en combinación con una presión de selección adecuada, el progreso genético de una población aumenta considerablemente.

En la actualidad, y al igual que para los modelos tradicionales de evaluación genética basados en BLUP, se han establecido una gran cantidad de variantes matemáticas para modelos lineales que estimen de manera eficiente y con alta precisión, los efectos de los SNP en las poblaciones.

Todos los modelos, desde el más simple, como el G-BLUP, hasta los más sofisticados, basados en estadística bayesiana y modelación de función de probabilidad de los

efectos de los marcadores ó los modelos jerárquicos, han probado que la inclusión de marcadores permite obtener ganancias en las precisiones de los GEBV's en promedio 10% superiores a las estimadas por métodos tradicionales, al mismo tiempo que demostraron tener un impacto significativo en el incremento de las precisiones cuando las variables presentan baja heredabilidad.

La experiencia acumulada por el grupo proponente del proyecto en evaluación genética con métodos convencionales, es sin duda una gran ventaja para afrontar este nuevo tipo de evaluación genética, con nuevas estructuras de datos y sobre todo, nuevos planteamientos para el desarrollo de modelos sofisticados de análisis.

El desarrollo de los modelos para selección genómica, será por lo tanto clave en el proceso de refinamiento de las técnicas para la optimización de las estimaciones. Sin embargo, para utilizar estas nuevas herramientas, se debe partir de una base de información sólida y consistente, que permita hacer comparaciones de los efectos estimados y sobre todo permita equiparar los resultados para los GEBVs.

Por las consideraciones anteriores, en principio se ha decidido aplicar los lineamientos adoptados por Interbull y USDA (USA) para la depuración y manejo de datos (Wiggans et al 2011), diseño y modelación de datos (<http://www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin39/Schenkel.pdf>), VanRaden (2008) y los test de validación de la evaluación genómica (<http://www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin41/Mantysaari.pdf>), como estrategias de análisis, presentación y divulgación de resultados a los productores.

En consecuencia, el modelo base para estimación de los valores genéticos será un modelo lineal G-BLUP, con la matriz de parentesco modificada para la incorporación de la estimación de parentesco con marcadores moleculares SNPs y el ajuste de las covarianzas de los individuos relativos sin genotipos, tal como lo recomienda VanRaden (2008).

A medida que se incorporen los datos de los marcadores y sea posible realizar la evaluación genómica, se implementarán estrategias matemáticas adicionales, que permitan mejorar las predicciones y modelar con mayor exactitud las variables genéticas relacionadas con la población.

Bajo este esquema, al final del segundo ciclo de evaluación, se espera consolidar un criterio basado en los lineamientos internacionales para valorar genéticamente los bovinos productores de leche y los debidos ajustes para la estimación parámetros genéticos en el trópico alto de Nariño.

En síntesis, en el presente proyecto se compararán las evaluaciones genómicas con las evaluaciones poligénicas y genómico-poligénicas, hecho que permitirá establecer con criterios científicos las ventajas o desventajas de las evaluaciones genómicas bajo condiciones ambientales propias del trópico alto de Nariño en la República de Colombia.

Teóricamente, de acuerdo con los resultados de varias investigaciones realizadas principalmente en Estados Unidos y Europa, en el ganado de leche, la mayor ventaja de la genotipificación y de las evaluaciones genómicas es la reducción del intervalo entre generaciones, debido a que toros jóvenes se pueden evaluar con mayor exactitud a una edad mucho más temprana, en comparación a lo que sucede con las evaluaciones tradicionales, donde estos toros jóvenes se seleccionan con base en los EPD de sus padres y por lo tanto es necesario esperar 4 o 5 años, para que sus hijas produzcan leche, es decir, la única manera de seleccionar es a través de las pruebas de progenie.

Para el caso específico del trópico alto de Nariño, la utilización de las evaluaciones genómicas, no solo contribuirá al propósito fundamental de seleccionar en el propio medio los animales de mayor mérito y con los objetivos previamente establecidos de acuerdo con las necesidades y condiciones específicas de la zona, sino que además genera conocimiento nuevo que permitirá resolver varias inquietudes e interrogantes planteados por comunidades científicas nacionales e internacionales. Por ejemplo, es un hecho que en las evaluaciones genómicas, la mayoría de animales no se genotipifica con chips de alta densidad, por ejemplo GGP - 80K, compañías como Illumina han diseñado chips de baja densidad como el GGP - 9K, que permiten imputar a 80K y evaluarlos con mejor exactitud, pero esto es una afirmación teórica que debe probarse mediante un proceso de investigación científica en esta región Colombiana.

Por otra parte, en muchos casos los animales simplemente no se genotipifican por razones de costo, por lo tanto los métodos que se usan actualmente utilizan una mezcla de registros fenotípicos, pedigrí y de genotipos para obtener una EPD genómico-poligénica combinada, tal como se plantea en el presente proyecto.

Por último, es necesario aclarar que los chips de genotipificación no explican toda la variación genética aditiva de los caracteres. Por ello, para el caso de la evaluación en el trópico alto de Nariño, en el presente proyecto se propone calcular los porcentajes de la variación genética explicada por los genotipos de todos los caracteres a evaluar en la población estudiada, con lo que se obtendrá información fidedigna de la efectividad de los chips que se utilizarán, es decir, los chips de 80K y 20K en las poblaciones Colombianas bajo las condiciones ambientales locales. Adicionalmente, al utilizar información de lugares geográficos diferentes, con condiciones de manejo,

alimentación, y clima distintos, se abre la posibilidad de evaluar la interacción genotípico-ambiental-genómica.

Es conveniente reiterar que este proyecto tiene como uno de sus objetivos, comparar la utilidad de modelos genómicos, genómico-poligénicos, y poligénicos, desarrollados para caracteres de bovinos de leche en Colombia, utilizando metodología existente, tanto clásica como bayesiana, lo que garantizará en cualquier caso la identificación de los animales de mayor mérito en el trópico alto de Nariño y conocimiento nuevo en cuanto a la utilidad, ventajas, desventajas y costos con cada uno de los modelos propuestos.

Por todo lo anteriormente expuesto, es necesario resumir la importancia de las evaluaciones genómicas en Nariño indicando que al estudiar por primera vez el genoma de nuestra población de bovinos es fundamental para comprender, en gran medida, como interactúan los genes bajo las condiciones ambientales locales, debido a que a partir de la frecuencia alélica de cada uno de los miles de SNP que se analizará, se podrá evaluar desde los patrones de la propia estructura genética, las relaciones de los procesos selectivos en la población, la estimación de haplotipos y su asociación con características productivas, hasta interpretaciones a nivel de la biología de sistemas que posibilitan discernir la interacción de los genes que se encuentren significativamente “*sobrerrepresentados*” en el genoma de cada individuo.

### **2.3.3. Panorama general de la producción láctea en Colombia y en el departamento de Nariño.**

La lechería colombiana se ha destacado en los últimos 30 años por su dinámica, reflejada en elevadas tasas de crecimiento de la producción. En la década de los 70, la producción lechera creció a razón de 4.7%, en promedio por año. En la siguiente década aceleró su expansión, alcanzando tasas anuales del 6.5%; mientras que en los 90, el crecimiento se redujo, pero

Se lograron tasas satisfactorias del 3.8% por año, hasta alcanzar en el 2011 una cifra de 6360 millones de litros de leche fluida y un crecimiento porcentual del 6.2% con respecto al 2010 (FEDEGÁN 2012).

Según la FAO (2011), Colombia figuró como el tercer país productor en América Latina con 7.4 millones de toneladas en el 2010, después de Argentina con 10.5 millones y Brasil con 29.8 millones. La Confederación Empresarial del Campo de Colombia (2008), destaca que la producción de leche tiene una tendencia al crecimiento, hecho que obliga a la búsqueda de nuevos mercados nacionales e internacionales y por ende al mejoramiento de todos los eslabones de la cadena láctea, para incrementar la productividad y rentabilidad de los sistemas de producción de leche.



La leche que se produce en Colombia proviene de los sistemas especializado y dual o de doble propósito. Se estima que el país cuenta con 23 millones de cabezas, de las cuales 9.8 millones están dedicados a la producción de leche, 8.4 millones en el doble propósito y 1.4 millones en el sistema especializado (Oficina de Planeación FEDEGAN, 2012). El 60.4% de la producción se destina para la industria láctea y el 34% a la comercialización de leche cruda y a la alimentación de terneros (DANE - ENA, 2011).

De acuerdo con datos del FEDEGAN (2012), en las zonas de vida del Trópico Alto, el sistema de producción corresponde en un 80% a la lechería especializada con las razas holstein, normando, pardo suizo y jersey, además de razas criollas y sus cruces. En la cuenca lechera del Trópico Alto de Nariño, también predomina la raza holstein la cual fue introducida en la región hace más de un siglo, primordialmente por su alta capacidad de producción. Sin embargo, en la actualidad se ha detectado la necesidad de considerar rasgos diferentes, especialmente los relacionados con la calidad composicional de la leche, la fertilidad y la longevidad (Programa de Mejoramiento Genético, 2009).

#### **2.3.4. Panorama general de la producción de leche en el departamento de Nariño**

La cuenca lechera de Nariño se caracteriza por ser predominantemente minifundista, con bajo nivel de tecnificación, lo cual resalta la necesidad de fortalecer el sector, a través de la transferencia de tecnología apropiada para esta clase de sistemas productivos. No obstante, en esta región, también se encuentran ganaderías especializadas con un buen nivel de tecnificación, en las cuales se practica el manejo adecuado de praderas, la suplementación alimenticia, selección y mejoramiento genético con el uso de tecnologías reproductivas como inseminación artificial y transferencia de embriones, además del registro de eventos productivos, reproductivos, sanitarios y genealógicos recolectados correctamente.

Según Solarte y Zambrano (2012), los sistemas de producción de leche en el Trópico Alto de Nariño se encuentran a una altura promedio por encima de los 3000 m.s.n.m., lo que implica un manejo complejo de las ganaderías de leche en la región, puesto que, en una situación ideal, a esa altitud los terrenos deberían dedicarse exclusivamente a la preservación de los ecosistemas, más que a las actividades agrícolas y pecuarias.

Otra particularidad en la región es el área de las fincas que, en promedio, es de 25.75 ha, de las cuales, igualmente en promedio, se dedican exclusivamente a ganadería 22.19 ha, lo que confirma el carácter minifundista en la zona; situación que no puede pasarse por alto, a la hora de proponer soluciones tecnológicas para la ganadería de leche en Nariño.

El Programa de Mejoramiento Genético (2009), reporta que más del 74% de la población bovina en esta región, corresponde a la raza holstein y en menor proporción a núcleos de las razas normando, pardo suizo, jersey y pequeños grupos de “criollos”, distribuidos a lo largo del departamento. Dada la predominancia de la raza holstein y

conociendo sus características de conformación anatómica y de producción, en Nariño, la selección se ha orientado a la obtención de mayores volúmenes de leche, mediante la introducción de germoplasma extranjero favorable para estas características. Si bien esta práctica ha contribuido a incrementar la producción láctea, otros factores como la calidad composicional y la eficiencia reproductiva, han ido en serio detrimento con el consecuente aumento en el número de descartes, incremento del intervalo entre partos, prevalencia más alta de enfermedades respiratorias y en general, pérdida de eficiencia y competitividad.

De acuerdo con la Cadena Láctea de Nariño, para el año 2010, en promedio se produjeron 626.835 litros de leche/día, lo cual equivale a 228.794.775 litros/año, dicha producción se centra en dos regiones, la primera se ubica en el municipio de Pasto y la segunda corresponde a los municipios de Guachucal, Cumbal, Túquerres e Ipiales. El volumen de leche producido permite el autoabastecimiento del departamento; sin embargo, debido a la apertura de nuevos mercados, la cadena láctea en Nariño, enfrenta una nueva etapa de globalización, que requiere un entorno propicio a la innovación y a la eficiencia del sector, con la conquista de mercados externos y el aprovechamiento de todas sus fortalezas, entre las que se pueden citar ser una zona de frontera y poseer animales con alto valor genético adaptados al medio.

Cifras publicadas por Agronet y la Unidad de Seguimiento de Precios de la Leche del Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, MADR (2009), indican que en la región cuatro, donde está incluido el departamento de Nariño, el porcentaje promedio de grasa es de 3,69%; el de proteína de 3,05%; el de sólidos totales de 12,01% y las unidades formadoras de colonias de 1.100.000. Estas cifras se han calculado de modo permanente en el programa Meg@lac, por su importancia en el proceso selectivo que se desarrolla desde finales del año 2006.

Por su parte, Agronet (2009), indica que en esta región el porcentaje de proteína se encuentra por debajo del promedio nacional. Esta debilidad en la calidad composicional, afecta negativamente la competitividad de la ganadería de Nariño, puesto que los contenidos de proteína están directamente relacionados con el valor biológico de la leche y con sus aptitudes para la industrialización, por lo que es obligatorio diseñar e implementar estrategias conducentes a su mejoramiento.

**2.3.5 Importancia de la calidad composicional de la leche:** La leche es un fluido complejo, con más de cien sustancias en diferentes estados como suspensión, emulsión y solución verdadera, que son las determinantes de su calidad nutricional y las que le confieren las propiedades como materia prima para la elaboración de un gran número de subproductos (Alais 1985). La composición promedio de la leche bovina, en diferentes razas, se presenta en la Tabla 1.

#### **Cuadro 1. Composición de la Leche Cruda de Varias Razas Bovinas.**

RAZAS	GRASA (%)	PROTEÍNA (%)	LACTOSA (%)	CENIZA (%)	SÓLIDOS TOTALES (%)
Holstein	3.54	3.29	4.68	0.72	12.16
Pardo suizo	3.99	3.64	4.94	0.74	13.08
Ayrshire	3.95	3.48	4.60	0.72	12.77
Guernsey	4.72	3.75	4.71	0.76	14.04
Jersey	5.13	3.98	4.83	0.77	14.42
Shorthorn	4.00	3.32	4.89	0.73	12.9

Fuente: Walstra, P. *et al*, 2006

La variación en los constituyentes de la leche se debe a diversos factores que alteran su composición, estructura y propiedades. Entre los factores de mayor influencia se puede mencionar la especie, la raza, el número de lactancia, la edad, los estados patológicos, los factores ambientales como la alimentación, el clima y el sistema de ordeño. Dichas variaciones se observan con mayor facilidad en constituyentes como la grasa, la lactosa, las cenizas y en mayor importancia en las proteínas (Walstra *et al* 2006).

Los contenidos de proteínas en la leche se afectan de modo especial por la influencia de factores ambientales, como la nutrición y genéticos, considerándose los segundos como los más importantes, debido a que son los genes los que permiten que el animal produzca leche de una determinada calidad y el medio ambiente provee las condiciones para que esto ocurra (Cerón *et al* 2004).

El contenido promedio de proteína en la leche bovina es de 3,5% y para incrementarlo, una vía eficaz es la selección de los animales con los mejores genotipos, los cuales una vez identificados, se pueden difundir intensivamente utilizando biotecnologías reproductivas como la inseminación artificial y la Multiovulación y transferencia de embriones (Montaldo y Barría, 1998).

En el departamento de Nariño, los estudios realizados por el Programa de Mejoramiento Genético, evidenciaron la necesidad de modificar el manejo genético de los hatos, en procura de incrementar los contenidos de sólidos totales y de esta manera alcanzar un mayor precio de venta para los productores y un beneficio para la industria láctea, a través de mejores rendimientos en el proceso industrial. Este fenómeno de deterioro en la calidad composicional de la leche se explica, básicamente, por efecto de la orientación en los programas de selección en los países productores y exportadores de germoplasma bovino, donde el objetivo central durante más de 100 años consistió en el incremento del volumen de leche por lactancia, lo que trajo también como consecuencia la disminución de la calidad composicional especialmente en cuanto a grasa y proteína, junto con una disminución notoria de la eficiencia reproductiva, la vida útil de los animales y el aumento de los problemas reproductivos.

### **2.3.6 Multiovulación**

El uso potencial de ovulación múltiple y transferencia de embriones, tiene como propósito aumentar las tasas de respuesta genética en el ganado bovino (Akhter, et al, 2004) y existe una mayor respuesta a la selección, la cual podría duplicarse a través de la utilización de los esquemas MOET.

En este sentido, los recientes avances en los protocolos de supe ovulación (OM), se han enfocado al tiempo de retraso de la ovulación en las vacas lecheras de alta producción después de la luteólisis, ya que la fisiología reproductiva de este ganado ha cambiando dramáticamente durante las últimas décadas debido a la ingesta de alimento, en relación a la mayor producción de leche por vaca/ha.

Durante el ciclo reproductivo de las vacas, el folículo del ovario de una hembra adulta no gestante libera un sólo óvulo a la vez. Normalmente la ovulación se produce como consecuencia de la circulación de hormonas gonadotrópicas. Al aumentar la concentración de dicha hormona, aumenta también la cantidad de óvulos producidos. Sin embargo, esto depende de la salud, la condición corporal, la alimentación, la raza de los animales y el medio ambiente en que se encuentren (Callesen, 1996).

Como se mencionó anteriormente, una vaca en promedio produce únicamente entre cinco a seis crías en su vida productiva, lo que indica que sin la aplicación de biotecnologías reproductivas, el progreso genético deseable en un ható sería lento. Al respecto Price (2001) ha revisado la práctica actual de la OM, como una técnica que se ha extendido en varias especies de interés económico como ganado vacuno, ovino, caprino, búfalos y equinos. La OM consiste en la aplicación de hormonas para estimular y multiplicar la ovulación en la vaca para obtener varios embriones. En este proceso, la vaca donante se insemina tres veces, cada 12 horas y siete días después se lleva a cabo el lavado del útero para extraer los embriones fertilizados, no fertilizados y/o degenerados (Akhter, et al, 2004).

### **2.3.7. Transferencia de embriones**

La transferencia de embriones (TE), consiste en trasferir un embrión viable sea en fresco o congelado al cuerno ipsilateral al cuerpo lúteo de una hembra adoptiva o receptora, en las que se lleva a cabo a término la gestación (García *et al* 2001).

La TE consta de cuatro fases principales:

1. Selección de la hembras donadoras y receptoras
2. Implementación de protocolos de OM de donante y sincronización de receptora
3. Colección y clasificación de los embriones

En 1890, se conoció el primer caso conocido en la literatura de preñez en conejos a través de la TE y durante la década de 1930 se utilizó el mismo método en cabras y

ovejas. Otros casos de transferencia de embriones se registraron después de 1950 (Akhter, et al, 2004).

La transferencia de embriones tiene muchas ventajas, entre las que se destacan el aumento en la cantidad de crías que pueden obtenerse de hembras genéticamente superiores, la difusión del material genético selecto, el uso óptimo del semen de gran valor y el control de la transmisión de enfermedades. Los resultados que se pueden obtener de un programa de TE en ganado vacuno, varía entre vacas y entre programas. Akhter et al (2004) afirman que entre los factores más importantes para el éxito de un programa de TE en cuanto al porcentaje de preñez son la calidad y el estadio de los embriones obtenidos, el manejo y el cuidado de las donadoras y receptoras, la adecuada sincronización entre donadoras y receptoras y la habilidad y destreza del técnico que transfiere el embrión en la receptora.

La tasa súper ovulatoria y el grado de sincronización de vacas y novillas en programas de Multiovulación y transferencia de embriones (MOET), presentan en la actualidad una respuesta extremadamente variable (D'occhio *et al* 2001 y Kastelic, 1994) que limita la aplicación de estas biotecnologías a escala comercial. El conocimiento del desarrollo folicular en bovinos proporciona las bases para comprender las razones de la variabilidad en la respuesta OM y en la sincronización de estros en los bovinos y permite mejorar la eficiencia de estas biotecnologías (Akhter, et al, 2004).

En consecuencia, el paso de la teoría a la práctica del proceso de MOET, es aún discutido y evaluado. La principal conclusión es que estos esquemas han probado claramente que los supuestos básicos se pueden cumplir. Sin embargo, algunas de las expectativas aún no se han alcanzado (Callesen *et al* 1996).

## **2.4. OBJETIVOS**

### **2.4.1. OBJETIVO GENERAL**

2.4.1 Seleccionar los bovinos de leche de alto de Nariño mediante la Utilización de modelos genómicos y poligénicos.

### **2.4. 2. OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

2.4.2.1. Seleccionar los bovinos de leche en Nariño, utilizando modelos genómicos, poligénicos- genómicos, poligénicos lineales y poligénicos no lineales, con énfasis en la producción de leche, grasa, proteína y puntajes de ubre, fortaleza, patas y pezuñas.

2.4.2.2. Diseñar un programa de apareamientos, para maximizar el progreso genético de las características relacionadas con la calidad composicional de la leche y los rasgos de conformación anatómica.

- 2.4.2.3. Difundir intensivamente el material genético seleccionado en el presente proyecto, mediante la utilización masiva de la inseminación artificial.
- 2.4.2.4. Constituir un núcleo élite con las hembras localizadas en el percentil 99 de mérito genético total, a través de la aplicación de biotecnologías reproductivas avanzadas que incluyen la multiovulación y la transferencia de embriones.
- 2.4.2.5. Contribuir al fortalecimiento de la capacidad científica-tecnológica de la región a través de la formación de jóvenes investigadores con estudios de posgrado a nivel de doctorado.

## 2.5. METODOLOGÍA

### 2.5.1. LOCALIZACIÓN.

La presente investigación se desarrollará en el trópico alto de Nariño, departamento localizado en el suroeste de Colombia, en la frontera con la republica del Ecuador (Figura 1). En el estudio se incluirán hatos lecheros situados en la subregión andina y en tres distritos lecheros, que agrupan diferentes municipios, como se indica a continuación:

**Distrito lechero de Pasto:** incluye los municipios de Pasto, Tangua, Yacuanquer, Nariño, Buesaco.

**Distrito lechero de Pupiales:** Pupiales, Ipiales, Aldana, Gualmatán, Carlosama.

**Distrito lechero de Guachucal:** Guachucal, Cumbal, Túquerres y Sapuyes.



Figura 1. Localización Geográfica de la zona de estudio.

### 2.5.2. RECOLECCIÓN DE LA INFORMACIÓN.

Con base en los resultados obtenidos en las fases previas de caracterización (Solarte y Zambrano, 2012), en el presente proyecto la información se recolectará en 70 fincas, las cuales poseen instalaciones que brindan las condiciones necesarias para la toma correcta y segura de las muestras de tejidos y leche, así como registros históricos de producción, reproducción y genealogías, los cuales se actualizarán permanentemente durante el desarrollo del proyecto, con el fin de alimentar el sistema de información diseñado y construido en el programa de mejoramiento genético de la Universidad de Nariño en el año 2007.

Todos los hatos participantes en los procesos de evaluación y selección genómica, serán identificados de acuerdo con los lineamientos establecidos por el Instituto Colombiano Agropecuario – ICA, como administrador del Sistema Nacional de Identificación e Información del Ganado Bovino y Bufalino, creado por medio de la Ley 914 de 2004, en el que se establecen como objetivos lograr la identificación plena del ganado bovino y servir como base de información para el mejoramiento genético de la ganadería Colombiana. Por lo tanto se solicitará a ese instituto, como el organismo responsable, el suministro de las herramientas necesarias para realizar la identificación oficial de los bovinos mediante la aplicación de los Dispositivos de Identificación Nacional – DIN, que corresponde al conjunto de elementos que debe portar un animal que hace parte del SINIGÁN y que contiene el Código Individual de Identificación correspondiente.

Para poder acceder a este sistema de identificación, las fincas participantes en el proyecto deberán estar registradas en el ICA como predios pecuarios y la identificación se hará por barrido total en cada hato.

En total se muestrearán 4100 animales de los cuales el 80% son de raza holstein y el resto de otras razas como pardo suizo, normando y Jersey, al igual que cruces entre éstas con la holstein.

### 2.5.3. Variables a analizar

Las variables que se incluirán en los modelos genómicos y poligénicos utilizados en la presente investigación serán las siguientes:

- a) **Productivas:** producción de leche (PL), porcentaje de grasa (PG), porcentaje de proteína (PP) y recuento de células somáticas (RCS).
- b) **Anatómicas:** Puntaje total de la clasificación lineal (PT) y puntajes individuales de las siguientes características: Estatura (ES), Pecho (P), Profundidad corporal (PC), Angulosidad (AG), Ángulo de la grupa (AGP), Ancho de la grupa (AGR), Vista

posterior de las patas (VPP), Vista lateral de las patas (VLP), Ángulo podal ( AP), Inserción anterior de la ubre (IAU), Colocación de los pezones anteriores (CPA), Longitud de los pezones (LP), Profundidad de la ubre (PU), Inserción posterior de la ubre (IPU), Ligamento suspensor medio (LSM) y colocación de los pezones posteriores (CPP).

La clasificación lineal, se realizará una vez por año, estará a cargo de personas con amplia experiencia en el tema y avalados por las respectivas asociaciones de criadores. Se incluirán en la evaluación los animales que a juicio de los clasificadores se encuentren totalmente aptas para llevar a cabo dicha evaluación

- c) **Reproductivas:** servicios por concepción (SC), días abiertos (DA) e intervalo entre partos (IEP).

La información de estas variables se recolectará de los sistemas de registros y sistematización ya establecidos en el programa de mejoramiento, los cuales recibirán los nuevos datos que puedan recopilarse durante el desarrollo del proyecto.

- d) **Relacionadas con la salud del sistema mamario:** Recuento de células somáticas (RSC).

La producción de leche se registrará en cada finca en el respectivo día de control y por cada animal en producción. El dato registrado será el que resulte de sumar la cantidad de leche obtenida en el ordeño de la mañana y la tarde.

Para la determinación de los porcentajes de grasa y proteína, se empleará el siguiente procedimiento:

**a. Toma de muestras de leche para análisis de grasa y proteína.**

Para la obtención de las muestras de leche, se seguirán los protocolos establecidos para estos fines por CONAFE (2010), al igual que los principios establecidos por CORPOICA (SF) en la guía del usuario de CORPOLAC.

Una vez obtenidas las muestras de leche, cuya cantidad será de 500 cc, los análisis se realizarán inmediatamente con analizadores digitales, los que se ubicarán en un sitio previamente determinado en cada finca y que reúna las condiciones para una correcta lectura.

El analizador de leche por ultrasonido es una alternativa económica y de gran valor para el análisis de leche en tiempo real.



El analizador de leche succiona una pequeña muestra y la somete al paso de una onda de ultrasonido. Un microprocesador traduce los resultados de materia grasa, sólidos no grasos, proteína, densidad, punto de congelamiento y agua, en un tiempo de medición de 90 segundos

La calibración de los analizadores de leche se efectuará en la Universidad de Nariño y en cada una de las plantas de Colácteos situadas en Pasto, Pupiales y Guachucal. El procedimiento para la calibración se realizará cada seis meses, teniendo en cuenta los parámetros de análisis de laboratorio efectuados con pruebas de plataforma para la grasa, proteína y lactosa para introducir estos datos en la calibración del analizador.

Con el fin de asegurar el correcto funcionamiento de los analizadores y la calibración de los mismos, se tomarán muestras aleatorias del 5% del total procesado en cada control y se enviarán al laboratorio de la Universidad de Nariño, en neveras portátiles a 4 °C y en un plazo inferior a 6 horas para la determinación de grasa por el método Gerber, procedimiento ya estandarizado en este laboratorio, en el cual se medirá el volumen de la fase grasa separada de la fase acuosa de la leche mediante la aplicación de ácidos, álcalis, detergentes fuertes, calor y centrifugación, en aparatos graduados especialmente para ello llamados butirómetros.

#### **b. Toma de muestras de leche para recuento de células somáticas (RCS)**

Para determinar el recuento de células somáticas se utilizará un dispositivo digital con su correspondiente kit de lectura, por lo que será necesario primero colocar una tirilla control, luego aparecerá un símbolo en el lector que indica el momento en que el equipo está listo para usarse.

Cumplido este paso, se colocará la tirilla con la muestra a evaluar y los resultados de lectura se interpretarán así:

- Si aparece, por ejemplo, un valor de 0.08, este número se multiplicará por un millón (1.000.000).
- Si aparece LO, se interpreta un RCS de < 50.000 CS/mL.
- Si aparece HI, se interpreta un RCS de > 3.000.000 CS/mL.

Los valores de porcentajes de grasa y proteína y recuento de células somáticas se determinarán bimensualmente en el día de control, alternando los ordeños de la mañana y la tarde.

#### **c. Evaluación de presencia de agua en la leche mediante la determinación del punto crioscópico.**

La metodología estará basada en la lectura directa en crioscopio automático que permitirá determinar la variación del punto de congelación de la leche, así como el porcentaje de agua adicionada. La lectura se hará de forma rápida y exacta puesto que este equipo permite visualizar cada uno de esos valores directamente en la pantalla LCD que trae incorporada.

#### **d. Otros análisis**

En el laboratorio se determinará aleatoriamente las unidades formadoras de colonias (UFC) en el 10% de las muestras analizadas, garantizando que este valor se determinará en todos los hatos.

Igualmente el analizador de leche permitirá la determinación de los contenidos de lactosa.

#### **2.5.4 Obtención de muestras de ADN**

Las muestras de ADN se obtendrán de sangre, pelo y semen. Todas las muestras serán colectadas por médicos veterinarios, con el fin de garantizar el cumplimiento de las medidas de bioseguridad y los lineamientos éticos para trabajos con animales.

Las muestras de sangre, de entre tres a cuatro centímetros, se tomarán de la vena coccígea, tal como se describe en la Figura 2, utilizando una aguja estéril número 21. La sangre se almacenará en tubos Vacutainer® heparinizados con EDTA como anticoagulante y se transportarán en frío hasta el Laboratorio de Mejoramiento Genético Animal de la Universidad de Nariño, donde se conservarán a 4 °C



**Figura 2.** Extracción de muestras de sangre en tubos vacutainer® heparinizados con EDTA.

Para el caso de la muestra de pelo, cinco a diez pelos serán arrancados del dorso de cada individuo teniendo en cuenta la presencia de folículos o bulbos los cuales tienen tejido vivo para la extracción de ADN. Posteriormente estos serán preservados en sobres plásticos y debidamente rotulados con el código de cada animal.

Por último, aproximadamente 100 uL de semen serán almacenados en tarjetas FTA® de Whatman Bioscience. Las tarjetas serán secadas a temperatura ambiente.

Tanto las muestras de pelo como las de semen serán transportadas a temperatura ambiente hasta el Laboratorio de Mejoramiento Genético Animal de la Universidad de Nariño donde serán procesadas.

### **2.5.5 Extracción y Cuantificación de ADN**

Dada la importancia de estudiar, seleccionar y conservar la genética de los bovinos adaptados y de mejor desempeño en el departamento de Nariño, las muestras colectadas en los diferentes distritos lecheros serán procesadas en el laboratorio de Mejoramiento Genético Animal de la Universidad de Nariño, con el propósito de aislar el material genético contenido en cada una de ellas y generar además un banco de ADN, el cual se conservará en agua libre de nucleasas a  $-20^{\circ}\text{C}$ . La obtención del ADN en la Universidad de Nariño, también evitará el transporte de muestras de tejidos a laboratorios externos, garantizando así la ausencia de contaminación y el incrementando la confiabilidad de las pruebas.

Para la extracción de ADN a partir de sangre, se utilizará el protocolo de Salting Out citado por Sambrook *et al* 1989 con modificaciones realizadas en el Laboratorio del Programa de Mejoramiento Genético de la Universidad de Nariño. Brevemente 500  $\mu\text{l}$  de sangre conservada en medio EDTA serán mezclados con 500  $\mu\text{l}$  de solución de lisis I (0.32 de sacarosa M, 10 mM de Tris-HCl pH=7.5, 5 mM de  $\text{MgCl}_2$  y 1% de Triton X-100). Una vez adicionado el volumen, se mezclará por inversión y se incubará a temperatura ambiente, durante 5 minutos. Pasado el tiempo de incubación, se hará centrifugación a temperatura ambiente a 14000 r.p.m. durante 1 minuto. El sobrenadante se descartará con cuidado, evitando perder el botón formado por centrifugación. Luego se adicionará 1 ml de solución de lisis I y se mezclará por inversión hasta homogenizar completamente el material, evitando formar espuma. Posterior a la homogenización, se centrifugará nuevamente 1 minuto a 14000 r.p.m. Los pasos de lisis y centrifugación se repetirán cuantas veces sea necesario, hasta lograr un precipitado de color blanco.

Posteriormente se adicionará al precipitado 400  $\mu\text{l}$  de solución de lisis II (10 mM de Tris-HCl pH=7.5, 10 mM de EDTA pH=8.0, 50mM de NaCl y 0.2% de SDS) y 20  $\mu\text{l}$  de proteinasa K (10ug/  $\mu\text{l}$ ). La solución homogenizada se incubará por 30 minutos a  $56^{\circ}\text{C}$ , pasado el tiempo de incubación se adicionará 300  $\mu\text{l}$  de solución de NaCl 5M. En este paso se empleará un equipo vortex para homogenizar la solución durante 60 segundos. Luego se hará centrifugación por 12 minutos a 14000 r.p.m. y se mezclará 350  $\mu\text{l}$  del sobrenadante con 900  $\mu\text{l}$  de etanol absoluto frío, para visualizar la formación de la malla de ADN. Finalmente se hará centrifugación del ADN formado durante 12 minutos a 14000 r.p.m. y se hará un lavado final con etanol al 70%. El ADN precipitado se secará a temperatura ambiente y se resuspenderá en 50  $\mu\text{l}$  de buffer de conservación TE (1 mM de Tris-HCl pH=7.5 y 0.1 mM de EDTA pH=8.0).

Por otro lado, el ADN procedente de las muestras de pelo y semen será extraído utilizando los kits KIT FTA<sup>®</sup> comerciales de Whatman (Bioscience), y se usará para ello

el protocolo suministrado por la casa fabricante. Brevemente, en el laboratorio, con un sacabocados (*Micro puncher*) se extraerá un disco de 1.2 mm de diámetro, el cual se transfiere a tubos eppendorf (Figura 3). El disco se lavará tres veces con 200 µL de buffer de extracción (FTA<sup>®</sup> Purification Reagent) y luego dos veces con 200 µL de buffer TE (Tris HCl 1M – pH = 9.0, EDTA 0.5M – pH=8.0). Cada lavado se realizará durante cinco minutos mediante inversión de los tubos eppendorf. Una vez terminado el proceso de aislamiento del ADN, los discos se pasarán a tubos de PCR de 0.2 µL y se secarán por 10 minutos a 56°C en un termociclador Myclicler de BioRad.

La cuantificación cualitativa y cuantitativa del ADN se llevará a cabo por comparación de fragmentos de concentraciones conocidas, utilizando el marcador Lambda/HindIII. La comparación visual se realizará sobre un gel de agarosa al 1% y Ez-visión como colorante. La cuantificación individual se realizará utilizando un espectrofotómetro NanoDrop, que además de los valores de concentración permitirá establecer valores de relación 260/280 (ADN/proteínas) y 260/230 (ADN/solventes orgánicos) que aportarán información sobre la pureza del producto.

### **2.5.6 Transporte de ADN para Genotipado**

Una vez aislado y purificado el ADN de los individuos seleccionados en el estudio, diluciones de ADN de 50ng/uL serán transportadas, a temperatura ambiente, en cajas comerciales para muestras genéticas. Las muestras serán enviadas por transporte certificado para su posterior genotipificación o genotipado en los Estados Unidos.

### **2.5.7 Genotipado o genotipificación**

Para realizar el genotipado o genotipificación de los animales, una muestra de ADN por cada animal, será enviada a Neogen-USA (<http://www.neogen.com>) para el correspondiente análisis con los chips GGP-LD 20K y GGP-HD 80K ([http://www.neogen.com/Agrigenomics/pdf/Slicks/GGP-HD\\_DairyFlyer.pdf](http://www.neogen.com/Agrigenomics/pdf/Slicks/GGP-HD_DairyFlyer.pdf)) los cuales permiten obtener el genotipo de aproximadamente 20.000 y 80.000 SNPs respectivamente, distribuidos uniformemente a lo largo del genoma de los individuos. Estos chips reemplazaran los tradicionalmente empelados en la evaluación genómica de la raza Holstein en el mundo (Interbull, <http://www-interbull.slu.se>).

Durante el primer año de ejecución se llevará a cabo el análisis de 2600 animales, donde se incluirán los que fueron seleccionados en la evaluación genética preliminar realizada en la zona, las hembras que se destinaran a multiovulación y los animales con alta conectividad entre fincas.

Posteriormente, durante cada año de ejecución se genotificarán 500 individuos, que se considerarán como candidatos a seleccionarse como reproductores de la siguiente generación.

El 30% de los individuos, correspondiente a los animales que poseen la mejor información histórica y actualizada y que proceden de las fincas con el mayor potencial genético de la región, serán analizados con chips de SNP de alta densidad (GGP-HD 80K), a fin de obtener la mayor cantidad de datos sobre la estructura de su genoma; mientras que el restante 70% de la población será genotipificada con un chip de menor densidad de marcadores SNPs (GGP-LD 20K). Las proporciones seleccionada se basan en la estrategia de imputación de SNPs de chips de baja a alta densidad (Weigel et al 2010).

A partir de la información haplotípica de individuos relacionados y genotipados con chips de 80.000 SNPs, se podrá estimar los genotipos faltantes de los demás individuos genotipados con 20.000 SNPs con precisiones que alcanzan el 99% (VanRaden 2013), puesto que la mayoría de SNPs contenidos en el chip 20K están presentes en el chip de 80K.

La información genética de estos individuos seleccionados, permitirá además corregir los efectos de estructura poblacional mediante el análisis conjunto de matrices de parentesco genómico y pedigrí en los individuos (Legarra et al 2008).

### **2.5.8 Manejo y depuración de las bases de datos de genotipos**

Para la depuración de la base de datos de genotipado se descartarán todos aquellos SNP que presenten las siguientes condiciones: 1) fallos de detección (call rate) superiores al 5%; 2) genotipos faltantes en más del 5% de los individuos; 3) SNPs con alelos de menor frecuencia (MAF) inferior a 0.05; 4) SNPs con fallos en la herencia mendeliana y 4) con señales de desvío en las frecuencias alélicas respecto al esperado de acuerdo al equilibrio Hardy Weimber (Wiggans et al 2010).

Por otro lado, únicamente serán analizados SNP cuya información de posición y anotación en el genoma bovino esté disponible. Cada SNP será comparado con la información disponible en las versiones del genoma bovino Btau\_4.2 y UMD\_3.1 disponibles en Ensembl (<http://www.ensembl.org/>).

Para los procedimientos de depuración y control de calidad, se emplearán programas como PLINK (Purcell et al 2007), así como scripts en Linux, y R (Ihaka y Gentleman, 1996; <http://www.r-project.org>). Igualmente se emplearán las herramientas bioinformáticas disponibles en la API de Ensembl para la anotación de los SNPs.

### **2.5.9 Análisis de datos genómicos**

#### **2.5.9.1 Estimación de haplotipos e imputación de datos**

Previo a los análisis de datos en estructura poblacional y evaluación genómica, se estimarán las fases haplotípicas de los datos a fin de identificar el origen Paterno o Materno de los alelos de los individuos mediante el algoritmo de agrupamiento de

haplotipos implementado en el software BEAGLE (Browning y Browning, 2009). Esta metodología permite al mismo tiempo realizar la imputación de datos perdidos a partir de la información de desequilibrio de ligamiento de los SNPs en los individuos de la población.

Mediante simulación y selección aleatoria de diferente número de SNPs, se evaluará la eficiencia de la imputación de genotipos del chip de baja densidad hacia alta densidad en la estructura de datos obtenida para la población de interés.

### **2.5.9.2 Estructura poblacional y desequilibrio de ligamiento**

Con la información de los genotipos se estimaran diferentes parámetros genéticos poblacionales a fin de establecer la relación existente entre los núcleos de producción en Nariño. Entre estos se evaluarán: 1) Espectros de frecuencia; 2) análisis de componentes principales; 3) Estimación de ancestrías; 4) Estructura poblacional medida con el índice de fijación  $F_{ST}$  para todos los SNPs y locus a locus.

En todos los casos, se considerará el efecto del desequilibrio de ligamiento entre marcadores, debido a su cercanía física en el genoma. Para esto se estimará los valores  $D'$  y  $R^2$  entre todos los SNPs así como su persistencia a través del genoma de los individuos de la población evaluada (Bohmanova et al 2010, Hayes et al 2009).

Por otro lado, mediante el análisis de bases de datos publicas se comparará el efecto de *Ascertainment bias* en la población de ganado Holstein en Nariño y se realizarán simulaciones para estimar su impacto en las estimaciones de estructura poblacional (Pstry y Ducrocq, 2011).

Los procedimientos anteriores se realizaran con software especializado como ADMIXTURE (Alexander et al 2009), PLINK, HAPLOVIEW (Barrett et al 2005), así como scripts en R, Linux y Perl.

### **2.5.10 Modelos para la estimación del mérito genético para la selección**

#### **2.5.10.1 Selección Genómica**

En principio se aplicará los lineamientos adoptados por Interbull y USDA (USA) para la depuración y manejo de datos (Wiggans et al 2011), diseño y modelación de datos (<http://www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin39/Schenkel.pdf>, VanRaden (2008) y los test de validación de la evaluación genómica (<http://www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin41/Mantysaari.pdf>), como estrategias de análisis, presentación y divulgación de resultados a los productores.

Bajo estos principios, una de las condiciones, es la utilización de un determinado número de marcadores (42,503 para los chips Bovine SNP50, 38,201 SNP para el bovine HD y 2,614 SNPs para el chip Bovine 3K) a fin de obtener estimaciones de efectos de SNP comparables con los obtenidos por Interbull. (Wiggans et al 2011)

La base de datos será dividida en dos, una de entrenamiento (Training) donde se estimaran los parámetros y estadísticos y una segunda base de validación (Olson et al 2011). La división de las bases se realizará principalmente por el año de nacimiento de los toros según las recomendaciones de Mäntysaari et al (2010) para la evaluación genómica de Interbull. La comparación de los resultados en la estimación de los valores de cría ó GEBVs (del Inglés: Genomic Estimated Breeding values) de las bases de entrenamiento y validación serán utilizados para estimar la precisión.

### 2.5.10.2 Modelo de Evaluación Genómica y Genómica – Poligénica

Para la evaluación genómica de los individuos se empleará un modelo lineal mixto que en su forma general se describe como:

$$y = \mu 1_n + \sum_{j=1}^k X_j g_j + e$$

donde  $y$  es el vector de registro fenotípicos correspondientes a Producción de leche, grasa, y proteína, recuento de células somáticas y 22 características con los valores de la clasificación lineal,  $\mu$  es la media general,  $1_n$  es un vector de  $n$  unos, donde  $n$  es el número de registros,  $\Sigma_j$  es la sumatoria sobre todos los marcadores,  $g_j$  es el coeficiente del marcador asociado al efecto de sustitución del alelo,  $X_j$  es la matriz de incidencia que indica el código del genotipo del respectivo marcador y  $e$  corresponde al vector de residuos.

Debido a la naturaleza de los marcadores en términos de efecto sobre la característica (desde nulo hasta muy grande) dos tipos de estrategias serán evaluadas en las bases de entrenamiento y validación.

La primera estrategia es conocida como **G-BLUP**, la cual es similar a la estrategia tradicional empleada en la evaluación genética de poblaciones. En este caso, se asume que los efectos de los marcadores se distribuyen normalmente con varianza constante, por tanto la matriz de parentesco estimada por genealogía será reemplazada por la matriz de parentesco genómico construida a partir de la información de los marcadores, siguiendo los pasos descritos por VanRaden (2008).

Igualmente, es posible incorporar en una sola matriz los datos de información genealogía (pedigrí) y parentesco molecular para su inclusión el modelo de evaluación

genómico, bajo un modelo genómico-poligénico. Para ello se seguirá los pasos descritos Legarra et al (2008) para la construcción de la matriz H.

Para la segunda estrategia, dado que *a priori* la distribución de los efectos de los marcadores es desconocida, se adoptarán algunos modelos bayesianos que permite incorporar información sobre la región del genoma en que se encuentran los SNPs. En consecuencia se analizarán dos estrategias reportadas por Meuwissen et al (2001) ampliamente utilizadas:

En **Bayes A**, se asumirá que pocos marcadores tienen efecto grande en la característica mientras que muchos tienen efecto pequeño. En este caso, la distribución *a priori* de la varianza de los SNPs es una

$$\sigma_{gj}^2 \sim X^{-2}(v, S)$$

Donde la distribución es una Chi cuadrada escalada invertida con  $v$  grados de libertad y  $S$  parametro de escala.

En **Bayes B**, se considerará que algunos marcadores tienen efecto cero o nulo. En este caso la distribución del efecto del SNP es:

$$\begin{aligned} \sigma_{gj}^2 &= 0 \text{ con probabilidad } \pi \\ \sigma_{gj}^2 &\sim X^{-2}(v, S) \text{ con probabilidad } (1 - \pi) \end{aligned}$$

Donde  $\pi$  es la probabilidad que el SNP no tenga efecto tenga efecto.

### 2.5.10.3 Estimación de los EGBV

Finalmente los EGBV se estimarán en cada individuo analizado en la evaluación como:

$$EGBV = \mu + X_j \hat{\beta}_j$$

Donde  $\mu$  es la media general,  $X_j$  es la matriz de genotipos y  $\hat{\beta}_j$  es el vector de medias posteriores de los efectos de los SNPs.

Los análisis serán realizados con los programas GenSel (Kizilkaya et al 2010), BLUP90 (Misztal 2008) y DMU (Madsen y Jensen 2012; [www.dmu.agrsci.dk/dmuv6\\_guide.5.1.pdf](http://www.dmu.agrsci.dk/dmuv6_guide.5.1.pdf)) Adicionalmente se empleará el paquete BLR del software R (Pérez et al 2010) y scripts para análisis de correlaciones.

### 2.5.10.4 Desequilibrio de ligamiento (LD)

En el presente proyecto se estimará el LD entre marcadores en los chips, lo cual podría a su vez ser una aproximación al LD existente entre marcadores y genes cuantitativos,



para la población del trópico alto de Nariño. La determinación del LD entre marcadores y genes cuantitativos, corresponde realmente a proyectos de investigación de naturaleza totalmente diferente al propuesto en el presente documento.

Con base en los resultados obtenidos en diferentes razas de bovinos (Villa-Angulo et al 2009) y en especial de la raza Holstein, la cual constituye la base de la población de bovinos del trópico alto de Nariño, se espera que los valores de LD no difieran notablemente, en relación a lo que ocurre en otros lugares del mundo. La decisión de empelar chips de densidades superiores a 20K hacen que, en promedio, la distancia entre un SNP y otro no sea mayor a los 60kb y por tanto haya poder en la detección de LD entre marcadores.

En consecuencia, en el presente proyecto el LD se estimará con el  $r^2$ , el cual corresponde a la correlación de los alelos en dos loci (Hill y Robertson 1968) y es una medida adecuada para la estimación de LD entre marcadores tipo SNP (Zhao et al 2007).

Utilizando los mismos procedimientos y con tamaños de muestra, autores como M. Sargolzaei et al (2008) y Qanbari et al (2010), quienes usaron 497 animales holstein y chips de 6K, lograron calcular un valor de  $r^2$  de  $0.58 \pm 0.37$ , lo que indica que con el tamaño de muestra propuesto en el presente proyecto se logrará estimar un valor de  $r^2$  igual o similar al mencionado.

## 2.5.11 Modelos de selección Poligénica

### 2.5.11.1 Modelos no lineales

Se utilizará un modelo de regresión aleatoria para estimar el valor genético en cualquier punto de la curva de lactancia, donde las características a evaluar son una función del tiempo. La expresión algebraica del modelo en mención es la siguiente:

$$y_{i=F+\sum_{m=0}^{k_b-1} bmm(ti)+\sum_{m=0}^{k_\alpha-1} \alpha imm(ti)+\sum_{m=0}^{k_\gamma-1} \gamma imm(ti)+\varepsilon_i}$$

Donde:

$$\sum_{m=0}^{k_b-1} bmm(ti) = \text{Trayectoria de la población (fijo)}$$

$$\sum_{m=0}^{k_b-1} bmm(ti) = \text{Trayectoria de la población (fijo)}$$

$$\sum_{m=0}^{k_b-1} bmm(ti) = \text{Trayectoria de la población (fijo)}$$

$$\varepsilon_i = \text{residuo}$$

$y_i$  representa las mediciones de las mismas características mencionadas en los modelos genómicos, tomadas en el día de control.

En notación matricial, el modelo adopta la siguiente estructura:

$$Y = X\beta + \Phi_a\alpha + \Phi_{pe}\gamma + \varepsilon$$

En el proyecto, los datos se ajustarán a un polinomio de Legendre de grado tres y el tiempo se tomará en la escala de -1 a 1.

Para obtener las varianzas en cada día de control y los valores genéticos se utilizará el programa Wombat (Meyer, 2007).

#### **2.5.11.2. Modelos lineales**

Se empleará la metodología clásica de los denominados modelos infinitesimales, expresados matricialmente de la siguiente manera:

$$y = Xb + Za + W_{pe} + e$$

Este modelo, permite describir el comportamiento de las variables reproductivas, considerando los efectos fijos en  $X\beta$ , el efecto aditivo del animal en  $Z_a$  y el efecto ambiental permanente en  $W_{pe}$ . En el residuo  $\varepsilon$  se incluyen los efectos genéticos y ambientales no considerados en el resto del modelo. Para las características que se midan una sola vez, se eliminará del modelo la expresión correspondiente al efecto permanente.

Las (co) varianzas y valores genéticos se obtendrán con los programas DFREML (Meyer, 1993), MTDFREML (Boldman *et al*, 1993) y Wombat (Meyer, 2007)

#### **2.5.12. Selección**

Una vez concluidas las evaluaciones genómica y genética, se seleccionará anualmente el 20% de las hembras de reemplazo y el 2,5% de los machos. Igualmente se constituirá un núcleo élite que por su supremacía genética puedan considerarse animales donantes de óvulos para formar embriones. En este grupo se incluirán las hembras localizadas en el percentil 99% de los valores genómicos, teniendo en cuenta las características a mejorar por selección en el trópico alto de Nariño.

De acuerdo con las cifras actuales, en un cuanto al tamaño de la población y la intensidad de selección propuesta, se espera seleccionar anualmente 200 hembras de reemplazo, 5 toros y 25 hembras destinadas a la producción de embriones.

El mérito genético se totalizará en un solo valor de índice, de acuerdo con la importancia relativa de los rasgos de mayor interés para la región, donde los porcentajes de grasa y proteína, junto con las características anatómicas del pecho y la ubre, incluyendo aquí el recuento de células somáticas, tendrán especial relevancia.

Una vez establecido el orden de los animales, de acuerdo con su mérito genético, a cada ganadero se le recomendará de forma clara y comprensible, como dirigir los apareamientos, con el propósito de alcanzar el máximo progreso genético, con la mínima consanguinidad.

El diseño del programa de apareamientos dirigidos, contará con el apoyo de un Comité Departamental de Mejoramiento genético, organismo asesor que se propone crear con el respaldo institucional de la Secretaria de Agricultura del Departamento de Nariño. En este comité tendrán representatividad los productores, el gobierno departamental y los investigadores.

Se espera que con este manejo genético se alcance un progreso en las características de interés no inferior al 5 % de la media de referencia, calculada sobre la población base, es decir el promedio de las vacas que inicien en lactancia en el segundo año de ejecución del presente proyecto.

#### **2.5.13. Comparación del mérito genético**

Mediante un análisis de correlación, se determinará la similitud o discrepancia existente entre los valores genómicos y genéticos estimados con cada uno de los modelos utilizados en el presente proyectos, Igualmente se cuantificará el costo de valoración con cada uno de ellos y las ventajas y desventajas para cada modelo.

#### **2.5.14. Multiovulación y transferencia de embriones**

Previa evaluación reproductiva de cada hembra seleccionada por mérito genético como donante, se aplicará el protocolo estandarizado por el grupo de investigación para superovulación e inseminación artificial a tiempo fijo (IATF) P24 GnRH36, por lo tanto, en el día cero se procederá a implantar un dispositivo intravaginal impregnado con 1.9 g de progesterona, el cual antes de colocarse, será sumergido en una solución de yodo al 5%, previo lavado de la vulva. Adicionalmente, se aplicará 2mg de benzoato de estradiol y 100mg de progesterona, vía parenteral.

En el día cuatro del protocolo de Multiovulación, se aplicará la hormona folículo estimulante (FSH) en intervalos de 12 horas durante seis días. El dispositivo intravaginal, se retirará después de la última aplicación de FSH y 24 horas después de haberse dicho dispositivo, se aplicará una dosis de GnRh. Finalizada la primera parte del protocolo se realizarán tres inseminaciones, cada una, con intervalos de 12 horas.

##### **2.5.14. 1 Protocolo de sincronización de receptoras**

En el día cero de sincronización de las receptoras, se procederá a implantar un dispositivo intravaginal impregnado con 1.9g de progesterona, 2mg de benzoato de estradiol y 25mg de progesterona. Al quinto día después de iniciado el tratamiento, se aplicará prostaglandina F2 $\alpha$  más 200UI de gonadotropina coriónica equina (ECG). Transcurridos ocho días, se retirará el dispositivo y al noveno día se aplicará 1mg de benzoato de estradiol. Es importante mencionar que durante los días 9 y 10 se observará y detectará los celos, para seis días después realizar la transferencia de embriones en fresco.

#### **2.5.14.2 Colecta de embriones**

Para la colecta de embriones se procederá a realizar la evaluación por ultrasonografía, con el fin de observar la respuesta de la donadora, respecto al número de estructuras ováricas.

Posteriormente, con el resultado de la ultrasonografía, se realizará el lavado y la desinfección del área perianal, seguido de la aplicación de anestesia epidural baja y se efectuará el montaje de la unidad de lavado y del filtro de colecta, aplicando de 2 a 3 “flushing” por cuerno uterino de suero fetal bovino (PBS).

#### **2.5.14.3. Búsqueda y clasificación de embriones**

Los embriones obtenidos en el filtro de colecta se pasarán a una caja de petri, los cuales serán lavados con solución de suero fetal bovino (PBS). Paso seguido, se procederá a la búsqueda y observación de los embriones usando un estereoscopio (SIUI 200V). Una vez identificados los embriones, se pasarán a un medio “holding” para su clasificación, según su calidad y estadio. Para ello, se tendrá en cuenta la morfología, el número compacto de blastómeras, el tamaño del espacio perivitelino, la presencia de blastómeras sueltas, detritus celulares, presencia y número de vesículas y apariencia de la zona pelúcida; acorde con los protocolos establecidos por la Asociación Internacional de Transferencia de Embriones (ITES), los cuales se han aplicado satisfactoriamente en trabajos anteriormente realizados por este grupo de investigación.

Una vez finalizado este procedimiento, se realizará el empaque de los embriones en pajillas irradiadas de 0.25ml, con medio “holding” para transferencia en fresco o con etilenglicol para su congelación.

Cuando los embriones se destinen para congelación, será necesario llevar a cabo el siguiente protocolo: 1) Clasificación de los embriones y selección de los excelentes o grado uno. 2) Lavado de los embriones según las normas ITES. 3) Carga de pajillas con etilenglicol 1.5M, durante un tiempo máximo de diez minutos. 4) Montaje de las pajillas en la congeladora a una temperatura de -6.5°C con un tiempo de 1 a 2 minutos. 5) Realización del “sedeeng” o sellado de la pajilla. 6) Congelación descendente

considerando una curva desde 0.6°C por minuto hasta -35°C. 7) Inmersión de las pajillas selladas en nitrógeno líquido.

Una vez obtenidos los embriones y empacados en pajillas, se procederá a la evaluación por ultrasonografía de las receptoras disponibles, con el fin de determinar la presencia, calidad y ubicación del cuerpo lúteo. Este parámetro determinará la utilización o descarte de la vaca receptora, ya que de esto depende el éxito en la transferencia del embrión del cuerno ipsilateral al cuerpo lúteo.

El 50% de los embriones resultantes, serán entregados al ganadero propietario de la vaca donante y el porcentaje restante pasará al banco de embriones del Programa de Mejoramiento Genético de la Universidad de Nariño, para fomento ganadero. Los embriones destinados al programa, se congelarán y quedarán como material genético de alto valor para la ganadería especializada de leche en la región, con el fin de fortalecer la capacidad competitiva y la sostenibilidad de los sistemas de producción, a través del mejoramiento continuo de las características de mayor importancia para el Trópico Alto de Nariño.

Todos los procesos correspondientes a obtención y transferencia de embriones se ejecutarán con estricto acatamiento de las disposiciones contenidas en la legislación colombiana, especialmente en la Resolución 02820 -11/10/2001 expedida por el ICA.

## **2.5.15. Colecta y congelación de Semen**

### **2.5.15.1 Preparación de diluyente:**

Se utilizará una a base comercial compuesta por una fracción A y una fracción B la cual tiene glicerol como crioprotector. A cada una de ellas se le adicionará 100 centímetros de yema de huevo procedentes de gallinas de campo, r previamente desinfectados; posteriormente se depositará en un Beaker debidamente esterilizado, y adicionará agua destilada hasta completar un volumen total de 500 ml por cada fracción. Finalmente la dilución se agitará hasta homogeneizarla completamente, se empacará en bolsas marcadas con el nombre del lote, fecha y hora de preparación en cantidades de 100 cc cada bolsa y se congelará.

### **2.5.15.2 Métodos de colecta:**

#### **2.5.15.2.1 Colecta con Vagina artificial**

Se inmovilizará el animal a utilizarse como maniquí, que en algunos casos puede ser un buey o una hembra en celo, se protegerá el área perianal y se acercará varias veces el semental seleccionado para lograr una estimulación y se realizarán dos o tres falsas montas y luego se dejará que el toro cubra al maniquí. En el momento en el pene del toro protruya del prepucio se lo retirará y se introducirá a la vagina artificial previamente armada con material desechable a 50 grados. El toro eyaculará dentro de la vagina

artificial, la cual está dotada de un tubo de ensayo graduado, el cual se llevará a baño maría a 32 grados.

#### **2.5.15.2.2 Colecta con Electro eyaculador:**

En este método el toro es inmovilizado en un brete, se limpiará el prepucio y toda el área vecina, se efectuará un masaje vía rectal sobre la próstata y glándulas accesorias, con el fin de lograr una previa excitación; luego se introducirá el dispositivo vía rectal, el cual por su capacidad para emitir impulsos eléctricos, conduce a la eyaculación. El líquido seminal obtenido de esta manera se depositará en un tubo de ensayo graduado y se llevará a baño maría.

#### **2.5.15.3. Evaluación del semen colectado**

Independiente del método utilizado para la colecta, el semen se evaluará macroscópicamente donde se examinará el color y el volumen; se registrará cada salto o tubo de manera individual, luego se tomará una muestra y se observará al microscopio en aumento de 20x y se evaluará la motilidad masal y se realizará el conteo para determinar la concentración por medio de la utilización de un equipo que indica cuantos millones de espermatozoides hay por centímetro. Con esa información se creará un registro para cada tubo.

#### **2.5.15.4. Dilución**

Posteriormente se suma el volumen total colectado y se multiplica por la concentración que nos da millones de espermatozoides por colecta y se divide por el numero de millones de espermatozoides por pajilla, este valor es dividido entre dos para encontrar la cantidad de diluyente agregar de cada una de las fracciones. A la fracción A se le resta el volumen de semen colectado.

Después de una hora y con intervalos de media hora se adiciona la fracción B y se pone a temperatura de 4 grados por 8 a 24 horas según la raza del semental.

#### **2.5.15.5. Empacado**

El semen completamente diluido se evaluará, en aumento de 20x a 40x, la motilidad individual y se procederá a empacar en pajillas de 0,5 las que se montan en un rack de congelación y conservarán en nevera a 4 grados centígrados.

#### **2.5.15.6. Congelación**

El semen se llevará a la cava de congelación, la que se llenará con 1.5 cc de nitrógeno líquido, se expondrá a vapor de nitrógeno por cinco minutos y se sumergirán en los termos a -196 grados centígrados, almacenados en gobelets, con capacidad para 100 unidades cada uno, garantizando su preservación y quedando listos para su uso en las

fincas, en concordancia con el programa de apareamientos dirigidos que se recomendará, según las necesidades establecidas para cada una de ellas, propiciándose así la masificación del material genético selecto, identificado y valorado según los resultados de la evaluación genómica.

#### **2.5.15.7. Evaluación de semen post congelado:**

Se descongelará una pajilla a 37 grados centígrados por un minuto y se evaluará con lamina cubre objetos la motilidad individual y la resistencia térmica. Igualmente se realizará la coloración de eosina nigrosina para determinar morfología y cuantos millones quedan vivos al descongelar.

#### **2.5.16. Beneficiarios de los resultados.**

A los resultados y productos derivados de la presente investigación podrán acceder los productores de leche del departamento de Nariño, independientemente de que se encuentren afiliados o no afiliados a la Cooperativa de Productos Lácteos de Nariño – Colácteos.

### **2.6 Trayectoria y Capacidad en Investigación, Desarrollo tecnológico e Innovación de las Instituciones Participantes**

#### **2.6.1 Grupo de Investigación Producción y Sanidad Animal – Cuyes, de La Universidad de Nariño.**

Este grupo, reconocido por COLCIENCIAS, fue creado en 1989 por el Profesor Alberto Caicedo Vallejo, profesor del programa de Zootecnia, quien dedicó su vida profesional a la investigación, generación y transferencia de tecnología para los productores de cuyes de la región. Por este motivo, el grupo conserva en su nombre la especie emblemática del departamento de Nariño.

En la actualidad el grupo concentra su accionar en los bovinos de leche y mantiene la investigación en cuyes, que son las especies más importantes para la región a través de dos grandes líneas de investigación, una en Mejoramiento Genético Animal y otra en producción de recursos alimentarios.

En la línea de Mejoramiento Genético Animal, el grupo ha ejecutado un buen número de proyectos, con lo que se ha logrado no solo generar conocimiento, desarrollos y transferencias de tecnología, sino que se ha formado un grupo de jóvenes investigadores, muchos de los cuales han terminado o se encuentran terminado estudios de posgrado a nivel de maestría y doctorado.

Los proyectos desarrollados por el grupo en el área de mejoramiento genético bovino, en los últimos cinco años, son los siguientes:

1. Caracterización y Evaluación Genética de la Población Bovina Lechera del Trópico Alto de Nariño para la Conformación de Núcleos de Selección
2. Determinación de las Frecuencias Alélicas de los Genes de la Kappa caseína en la Población Bovina Lechera del Trópico Alto de Nariño
3. Difusión Intensiva de Material Genético Selecto por Multiovlación y Transferencia de Embriones en el Trópico Alto de Nariño, para el Mejoramiento Composicional de la Leche
4. Identificación Molecular de los Genotipos de las Fracciones Proteicas de la Leche en Hembras Bovinas Donadoras y su Relación con las Variables Productivas, Reproductivas y de Rendimiento Quesero en el Trópico Alto de Nariño
5. Caracterización Molecular y Dirección de Apareamientos en Bovinos del Municipio de Pupiales – Nariño (servicio prestado al programa ADAM)
6. Análisis de la Diversidad Genética de ganado Bovino Lechero del Trópico Alto de Nariño Mediante Marcadores Moleculares Heterólogos de Tipo Microsatélite

Estos proyectos han sido financiados por El Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural de Colombia, El SENA y la Universidad de Nariño. En todos ellos han participado productores de la región, principalmente a través de la vinculación y apoyo de Colácteos.

Igualmente en las áreas del mejoramiento genético y biología molecular, pero en otras especies, en el mismo periodo, el grupo ha desarrollado los siguientes proyectos:

1. Caracterización Genética de Cuyes *Cavia Porcellus* (Rodentia; Caviidae) Mediante Marcadores Moleculares Microsatélites
2. Caracterización Molecular de tres Poblaciones del *Cavia porcellus* en el Departamento de Nariño-Colombia, Mediante Marcadores Moleculares AFLPs
3. Evaluación y Selección Genética Multirracial del *Cavia Porcellus* para las Características de Importancia Económica en Nariño-Colombia
4. Selección Integral de Reproductores *Cavia porcellus* Mediante Valoración Genética por Modelo Animal

Adicionalmente, en los últimos cinco años, diversos integrantes del grupo han dirigido trabajos de conclusión de estudios de pregrado y posgrado de los cuales 6 han sido calificados como meritorios, uno como laureado y otro ganó el premio internacional ENICIP como mejor trabajo de pregrado en el país.

Como producto de la investigación, el grupo ha publicado en revistas indexadas A1, A, B y C, ha elaborado varias publicaciones de carácter divulgativo, ha presentado ponencias en seminarios regionales, nacionales e internacionales y ha obtenido premios y reconocimientos, que se resumen de la siguiente manera:

**Artículos publicados en revistas científicas 29, Libros 1, Capítulo de Libro publicado en Europa 1, Capítulos de Memoria en eventos 9, Textos en publicaciones divulgativas no científicas 22, Informes de Investigación 9,**



**Organización de Eventos 5, Trabajos en Eventos 23, Programas en Radio y TV 6, Reconocimientos de instituciones académicas por investigación 8, Premios internacionales 1, Reconocimientos gremiales por investigación 3.**

La productividad detallada del grupo se encuentra disponible en el enlace <http://201.234.78.173:8080/gruplac/jsp/visualiza/visualizagr.jsp?nro=0000000000154>.

Complementariamente se puede obtener información adicional del grupo en el enlace <http://promegalac.udenar.edu.co>.

La información detallada de cada uno de los integrantes del grupo que participan en el presente proyecto se puede consultar en los siguientes enlaces:

Dra. Carol Yovanna rosero Galindo

[http://201.234.78.173:8081/cvlac/visualizador/generarCurriculoCv.do?cod\\_rh=0000253227](http://201.234.78.173:8081/cvlac/visualizador/generarCurriculoCv.do?cod_rh=0000253227)

Candidato a Doctor William Orlando Burgos Paz:

[http://201.234.78.173:8081/cvlac/visualizador/generarCurriculoCv.do?cod\\_rh=0000920894](http://201.234.78.173:8081/cvlac/visualizador/generarCurriculoCv.do?cod_rh=0000920894)

Dr. Carlos Solarte Portilla.

[http://201.234.78.173:8081/cvlac/visualizador/generarCurriculoCv.do?cod\\_rh=0000298697](http://201.234.78.173:8081/cvlac/visualizador/generarCurriculoCv.do?cod_rh=0000298697)

El Dr. Henry Jurado Gámez, profesor de la Universidad de Nariño, pertenece al grupo FISE-PROBIOTEC y su currículum puede consultarse en el siguiente enlace:

[http://201.234.78.173:8081/cvlac/visualizador/generarCurriculoCv.do?cod\\_rh=0000298727](http://201.234.78.173:8081/cvlac/visualizador/generarCurriculoCv.do?cod_rh=0000298727)

## **2. 6. 2 Grupo de Investigación de La Universidad de La Florida (University Of Florida)**

La vinculación de The University Of Florida al proyecto se logra gracias al intercambio de experiencias del grupo con el Dr. Mauricio A. Elzo profesor del Departamento de Ciencia Animal, de dicha universidad, en el área de mejoramiento genético, lo que permitió la suscripción de un convenio, que contempla entre otras cosas la realización

de trabajos de investigación entre la Universidad de Nariño y la Universidad de la Florida.

El Dr. Elzo es una reconocida autoridad mundial en el área, autor de centenares de artículos y ponencias en seminarios realizados en muchos lugares del mundo. Toda su productividad y experiencia se puede consultar en la página web correspondiente al siguiente enlace <http://www.animal.ufl.edu/elzo/>. Por parte del grupo del Dr. Elzo también participará como investigador el estudiante de doctorado Carlos Alberto Martínez Niño, Zootecnista y magister colombiano, cuya trayectoria y productividad se puede consultar en el enlace [http://201.234.78.173:8081/cvlac/visualizador/generarCurriculoCv.do?cod\\_rh=0001351331](http://201.234.78.173:8081/cvlac/visualizador/generarCurriculoCv.do?cod_rh=0001351331)

En síntesis, para el desarrollo de la presente propuesta actuarán como investigadores 3 doctores y un candidato a doctor, con dos maestrías por el grupo responsable del proyecto de la Universidad de Nariño; un doctor más por parte de la Universidad de la Florida (Estados Unidos) y un estudiante de doctorado de la misma institución, como apoyo de otro grupo de investigación de la Universidad de Nariño. Igualmente se continuará fortaleciendo los vínculos de apoyo académico del país y el exterior.

### **2.6.3 Colácteos**

La información de Colácteos en la que se indica los orígenes, trayectoria y planes de trabajo futuros se puede consultar en el enlace [www.colacteos.com.co](http://www.colacteos.com.co), del cual se han extractado los siguientes apartes: “Para contextualizar a la Cooperativa de Productos Lácteos de Nariño Ltda. Colácteos dentro del subsector lácteo regional es necesario hacer una pequeña remembranza de su historia de más de tres décadas de trabajo y esfuerzo asociativo, de honestidad y lealtad a un modelo que ha dado a nuestros asociados estabilidad y que ha posicionado a la lechería especializada de Nariño dentro del contexto de la cadena láctea nacional.”

“La Cooperativa como tal en su concepción filosófica asociativa de economía solidaria nació por insinuación de los holandeses, modelo extendido en la Unión Europea y que ha llevado a muchos países a un desarrollo sostenido, brindando a sus asociados calidad de vida, sentido de pertenencia y expectativas de un futuro mejor. Esta es la estructura que aún se conserva gracias a la orientación e ilustración organizacional del gobierno de Holanda a través de sus funcionarios en el departamento de Nariño.”

“La Cooperativa dentro de su programa estratégico de mejoramiento y proyección institucional ha servido de regulador de precios en la compra de leche y la venta de insumos agropecuarios, utilizando el poder de la asociatividad en el modelo de

economías de escala que propenden en bajar los costos de producción en las fincas de los asociados y ganaderos de Nariño. Por otro lado, la cooperativa aplica criterios de compra exigentes forzando de esta manera a sus proveedores a conseguir las mejores calidades de leche.”

“El entendimiento del modelo asociativo ha sido difícil tal vez por idiosincrasia del nariñense, una deuda histórica que nos ha sumido en desconfianzas, críticas y envidias que hacen que esta filosofía de vida cooperativa no haya crecido a la par con el crecimiento de la empresa. Colácteos a pesar de estos inconvenientes es el referente del modelo en el sur de país convirtiéndose una de las fuerzas vivas más representativas de los departamentos del Valle, Cauca, Nariño y Putumayo.”

“Hablar de Colácteos es hablar del ganadero Nariñense, es hablar de las pocas industrias del departamento, hablar de uno de los mayores generadores de empleo digno en el sector privado, de responsabilidad social y de quien sin ser gremio a llevado en sus espaldas el desarrollo de un sector que aporta más del 65% del PIB pecuario del departamento, por tal razón se ha convertido en uno de los referentes de las Cooperativas Lecheras de Colombia como lo menciona el documento **Diagnóstico nacional e internacional del sector lácteo y Plan de negocio para el Sector Lácteo Colombiano** del Ministerio de Comercio, Industria y Turismo que dice “Cabe resaltar que Colanta no es el único ejemplo de éxito asociativo. Si miramos las cifras de líderes en ventas 2011 publicadas en el Vademécum de La Nota, podemos ver que entre las 10 primeras empresas hay 3 cooperativas y una de ellas es la líder. Por tanto, en Colombia, las cooperativas no solamente existen en el mercado, sino que mantienen una notable presencia en los primeros puestos en ventas. Asimismo, mantienen presencia en todo el territorio nacional por ejemplo con Colácteos en Nariño, Colanta en Antioquia, Coolechera en Barranquilla, Coolesar y Ciledco en Valledupar, etc.””

## **2.7 Distribución de Responsabilidades Para El Desarrollo del Proyecto**

### **2.7.1 Responsabilidades de la Universidad de Nariño**

1. Avalar institucionalmente la ejecución del proyecto
2. Responsabilizarse institucionalmente por el manejo y administración de los recursos solicitados al SGR, garantizando transparencia, oportunidad y racionalidad.
3. Garantizar el aporte de los recursos por el monto señalado en el presupuesto del proyecto
4. Brindar las facilidades y el apoyo institucional para que el grupo responsable del proyecto realice las labores necesarias para alcanzar los objetivos del proyecto

5. Con acatamiento de la normatividad vigente y verificando el cumplimiento de los perfiles requeridos, contratar al personal técnico calificado, de acuerdo con el presupuesto solicitado al SGR, mediante procesos públicos y transparentes
6. Con las mismas condiciones indicadas en el numeral 5 seleccionar por méritos al candidato para adelantar estudios de posgrado en el exterior, en el área de genómica, genética y mejoramiento.
7. Exigir al grupo la presentación de informes que contengan los avances del proyecto, en las fechas señaladas en el cronograma.
8. Mantener comunicación permanente con el grupo de investigación y con las entidades participantes en el desarrollo del proyecto con el propósito de evaluar la marcha de las actividades allí previstas y tomar los correctivos que sean necesarios cuando se presentasen inconvenientes.

### **2.7.2 Responsabilidades de la Universidad de la Florida (USA)**

1. Garantizar la participación de los investigadores por el tiempo establecido en el proyecto.
2. Garantizar el aporte indicado en el presupuesto del proyecto.
3. De acuerdo con sus reglamentos y los términos del convenio suscrito con la Universidad de Nariño, facilitar la movilidad académica de profesores y estudiantes.
4. Ofrecer el apoyo a su alcance para vincular a sus programas de maestría y doctorado, relacionadas con el proyecto a estudiantes de la Universidad de Nariño.
5. Facilitar el acceso a sus recursos bibliográficos, en temas relacionados con el proyecto.

### **2.7.4. Responsabilidades de Colácteos**

1. Garantizar los recursos comprometidos en el proyecto
2. Ofrecer todas las facilidades para que se pueda recolectar la información requerida en cada uno de los hatos, al igual que la obtención de tejidos animales
3. Participar en los eventos de capacitación y difusión de resultados programados
4. Acatar las recomendaciones de tipo técnico que surjan del proyecto
5. Convocar a los ganaderos del proyecto a las reuniones que sean necesarias para el correcto engranaje de los procesos requeridos en el proyecto
6. Ofrecer las facilidades de su infraestructura para la distribución de semen y embriones congelados en los tres distritos lecheros incluidos en el proyecto.
7. Establecer los mecanismos para que los ganaderos vinculados al proyecto se comprometan a mantener en sus predios los animales seleccionados como donantes de semen o embriones, lo mismo que a la obligación de informar al ejecutor del proyecto las novedades que puedan presentarse en estos animales.
8. Responder a las inquietudes que formule la entidad ejecutora respecto a la normal marcha del proyecto.

9. Solicitar a la entidad ejecutora los informes que considere convenientes relacionados con la marcha del proyecto.
10. Acusar recibo de la entrega de informes semestrales y final, con las observaciones que considere conveniente anotar.

## 2.8. Resultados/productos esperados

PRODUCTO	CARACTERÍSTICA	FUENTE DE VERIFICACIÓN
Documento que contiene los análisis correspondientes a la Información genómica de los SNPs, de los cuales 98,400,000 corresponderán a la lectura con chip de 80 K y 57,400,000 con chips de 20K	Conocimiento nuevo	Páginas web de la Universidad de Nariño y del programa de mejoramiento genético de la misma universidad. Archivos del grupo de investigación. Revistas que publiquen los resultados de esta información.
Listado con los machos y hembras de mayor mérito genético, ordenados de acuerdo con los valores genómicos y genéticos, agrupados en un solo valor de índice, considerando las características objeto de mejora	Conocimiento nuevo y desarrollo tecnológico. Fortalecimiento de la capacidad científica tecnológica de la región.	Páginas web de la Universidad de Nariño y del programa de mejoramiento genético de la misma universidad. Archivos del grupo de investigación. Revistas que publiquen los resultados de esta información.
Listado que contiene el programa de apareamientos dirigidos, apropiado para el trópico alto de Nariño y para cada finca beneficiaria.	Conocimiento nuevo y desarrollo tecnológico. Fortalecimiento de la capacidad científica tecnológica de la región.	Páginas web de la Universidad de Nariño y del programa de mejoramiento genético de la misma universidad. Archivos del grupo de investigación. Revistas que publiquen los resultados de esta información.
Pajillas con 0.5 ml de semen proveniente de los machos seleccionados que se utilizarán en el programa de apareamientos dirigidos en las fincas de la región	Desarrollo tecnológico. Apropiación social del conocimiento	Universidad de Nariño. Colácteos.
Embriones congelados, obtenidos de las hembras consideradas donantes por su mérito genético para posteriores transferencias a hembras receptoras en las fincas de la región	Desarrollo tecnológico. Apropiación social del conocimiento	Universidad de Nariño. Colácteos.
Embriones frescos transferidos en las fincas que posean hembras consideradas donantes por su mérito genético	Desarrollo tecnológico. Apropiación social del conocimiento	Universidad de Nariño. Colácteos.
Receptoras con preñez confirmada	Desarrollo tecnológico. Apropiación social del conocimiento	Universidad de Nariño. Colácteos.
Estudiante formado en nivel de doctorado en el área de mejoramiento genético	Fortalecimiento de la capacidad científica tecnológica	Universidad de Nariño. Universidad que expide el título.

## **2.9. Identificación y caracterización de la innovación propuesta**

De la lectura de múltiples documentos referidos a la innovación es posible concluir que ésta tiene mayores alcances “cuanto más rompe con las formas tradicionales de cubrir una necesidad y aporta ventajas mas diferenciales, aunque probablemente a cambio de exigir cambios de comportamiento en los usuarios y en el mercado” (Matarranz, 2007).

De la anterior afirmación, resulta claro que el presente proyecto cumple con las condiciones requeridas para ser considerado innovador, por cuanto enfatiza en la necesidad de romper los esquemas de manejo genético históricamente utilizados en la ganadería nacional y regional, para lo cual propone utilizar como reproductores únicamente a los animales cuyo mérito sea estimado con métodos confiables que consideren las condiciones ambientales propias del trópico alto de Nariño, otorguen mayor importancia relativa a las características limitantes de la productividad y eviten apreciaciones subjetivas, en el momento de escoger los animales.

Adicionalmente, en el nuevo esquema propuesto en el proyecto, se plantea la aplicación de principios y procedimientos realmente innovadores como la selección de animales a través del análisis de la información genómica, técnica que, hoy por hoy, es considerada en todo el mundo como la más avanzada y eficiente. Sin embargo, aunque son innegables las ventajas teóricas que ofrece la selección genómica, tanto en la exactitud de las estimaciones como en la disminución de los costos y tiempos requeridos para seleccionar los animales, dichas ventajas no han sido determinadas bajo las condiciones del trópico alto de Nariño, por lo que no es posible responder la pregunta que recurrentemente se plantea, respecto a que tan grande es la superioridad de la genómica, en comparación con los métodos tradicionales de evaluación genética. Con la ejecución del presente proyecto será posible acopiar suficientes datos científicos para dar respuesta objetiva a esa inquietud.

Por otra parte, en el proyecto se tiene previsto la utilización de un novedoso modelo de difusión genética, con el fin de aumentar los impactos del mejoramiento genético. Este modelo contempla que, una vez concluidas las evaluaciones genómica y genética, será posible identificar los individuos de mérito superior y los propietarios de los mismos se comprometerán a compartir esa genética superior con los demás productores regionales, a través del uso masivo de las biotecnologías reproductivas, puesto que se comprometerán a ceder el 50% de los embriones o semen congelado que se obtenga para ser utilizados en otras fincas, en correspondencia con el plan de apareamientos dirigidos que se formulará para cada hato, de acuerdo con sus necesidades particulares de mejormamiento.

Retomando los conceptos de Matarranz (2007), se recalca que las propuestas contempladas en este proyecto, respecto al manejo genético en el trópico alto de Nariño, son realmente innovadoras.

## 2.10. Estudio de Mercado

El objetivo del estudio de mercado del presente proyecto, tiene como fundamento estimar la cuantía de los bienes o servicios provenientes de una nueva unidad de producción, en este caso pajillas de semen, embriones frescos y embriones congelados, que los ganaderos de la región están dispuestos a adquirir a determinados precios. Esta cuantía representa la demanda parcial, desde el punto de vista del proyecto.<sup>1</sup>

### 2.10.1. Análisis de la Oferta

#### 2.10.1.1 Producción

La producción aquí señalada está determinada por las cantidades de dosis de semen congelado de 0.5 ml, embriones congelados y embriones frescos, que serían las mínimas requeridas para cubrir la demanda parcial de los ganaderos del trópico alto de Nariño.

#### 2.10.1.2. Semen Congelado

**Cuadro 2: Oferta de Semen Congelado, derivada del proyecto.**

<b>AÑOS</b>	<b>CANTIDADES</b>
2011	0
2012	0
2013	0
2014	5300
2015	5300
2016	5300

Fuente: Promegalac año 2012

---

<sup>1</sup> Manual de Proyectos de Desarrollo económico Pág. 18



### 2.10.1.3 Embriones Congelados

**Cuadro 3: Oferta de Embrión Congelados**

#### Oferta ideal

AÑOS	CANTIDADES
2011	1400
2012	1400
2013	1400
2014	1400
2015	1400
2016	1400

#### Oferta real derivada del proyecto

AÑOS	CANTIDADES
2011	0
2012	200
2013	0
2014	160
2015	160
2016	160

Fuente: Promegalac año 2012

### 2.10.1.4 Embriones Frescos

**Cuadro 4: Oferta de Embrión Congelados**

#### Oferta ideal

AÑOS	CANTIDADES
2011	1400
2012	1400
2013	1400
2014	1400
2015	1400
2016	1400

#### Oferta real derivada del proyecto

AÑOS	CANTIDADES
2011	0
2012	200
2013	0
2014	80
2015	80
2016	80

Fuente: Promegalac año 2012

De acuerdo con los estimativos de producción, indicados en el proyecto, la cantidad de semen, embriones frescos y embriones congelados, cubrirá fácilmente la demanda parcial de la región. Igualmente, en el mediano plazo y en función de los resultados respecto al desempeño superior que se espera obtener por efecto de la utilización intensiva de los animales seleccionados en esta investigación, es altamente razonable esperar un incremento en la demanda, lo que obligará a una mayor producción de los bienes antes mencionados.

Es importante aclarar que en el presente proyecto se tiene previsto alcanzar los mayores impactos en cuanto a mejoramiento genético a través de la difusión intensiva del semen de los machos identificados como genéticamente superiores, bajo las condiciones ambientales del trópico alto de Nariño y que en el estimativo, tanto de las dosis de semen como de los embriones, se consideraron las cantidades mínimas que deben alcanzarse durante la ejecución del proyecto, con cálculos conservadores.

## 2.10.2 ANÁLISIS DE PRECIOS

Los precios de venta que se aprecian en los Cuadros 5, 6 y 7, corresponden a estimativos reales calculados en las fases previas realizadas a través de diversos trabajos de investigación en el programa de mejoramiento genético de la Universidad de Nariño, en los cuales participaron cientos de ganaderos de la región

**Cuadro 5: Precio de venta semen congelado**

AÑOS	PRECIO
2012	25.000
2013	25.000
2014	25.000
2015	25.000
2016	25.000
2017	25.000

Fuente: Promegalac año 2012

**Cuadro 6: Precio de venta Embrión Congelado**

AÑOS	PRECIO
2012	500.000
2013	500.000
2014	500.000
2015	500.000
2016	500.000
2017	500.000

Fuente: Promegalac año 2012

**Cuadro 7: Precio de venta Embrión Fresco**

AÑOS	PRECIO
2012	500.000
2013	500.000
2014	500.000
2015	500.000
2016	500.000
2017	500.000

Fuente: Promegalac año 2012

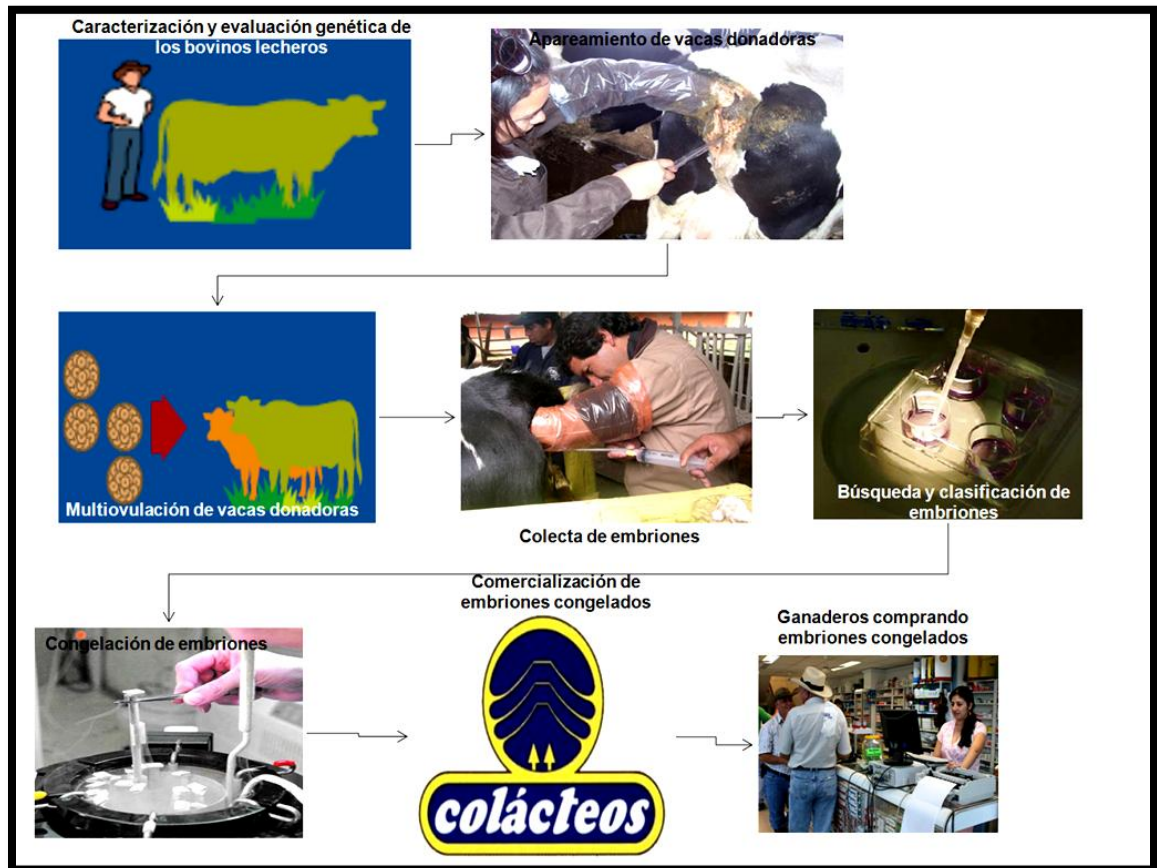
### 2.10.3. COMERCIALIZACIÓN DEL PRODUCTO

#### 2.10.3.1 Flujo Grama para la obtención y comercialización del semen congelado



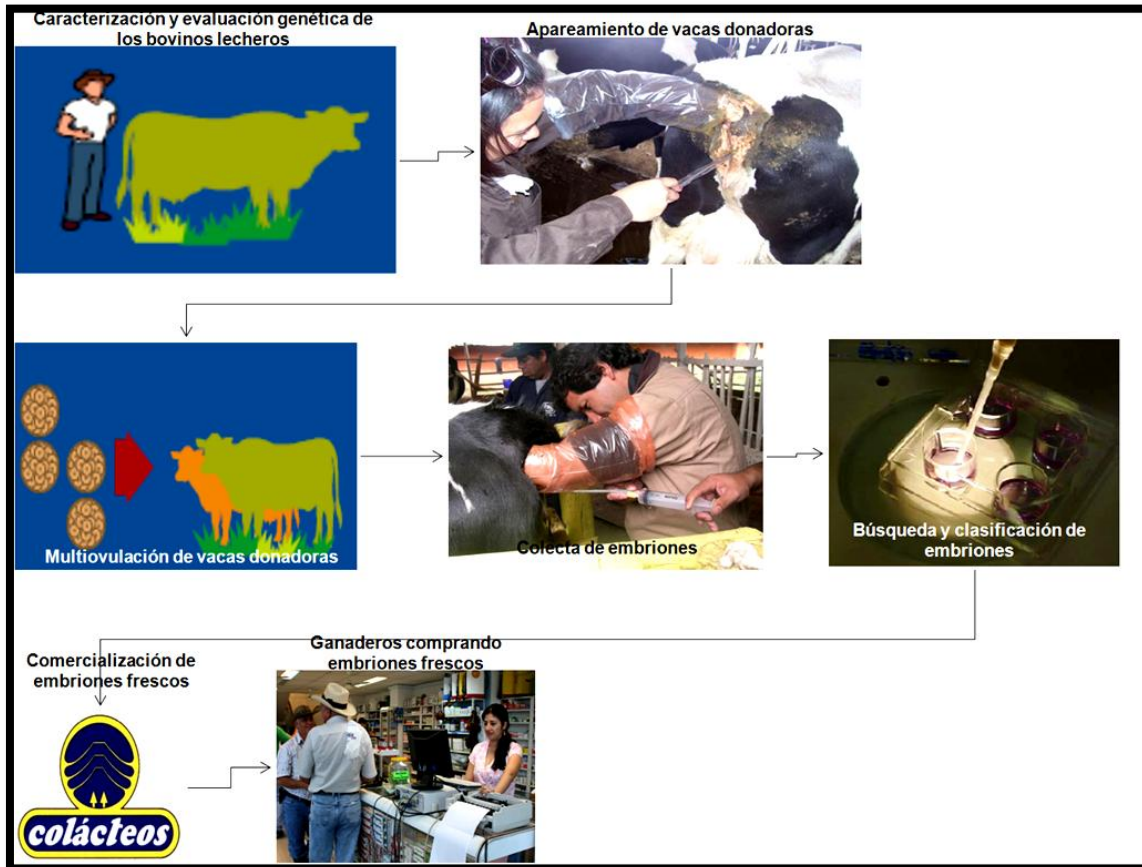
Fuente: Promegalac año 2012

### 2.10.3.2 Flujo Grama de la Comercialización para Embrión Congelado



Fuente: Esta investigación año 2012

### 2.10.3.3. Flujo Grama de la Comercialización para Embrión Fresco



Fuente: Promegalac año 2012

### 2.10.4 Canales de Distribución

Un canal de distribución es la ruta que facilita que un bien o servicio pase del productor al consumidor final. En este caso particular, aunque el objeto principal para desarrollar el presente proyecto es la investigación y el desarrollo tecnológico, como resultado de las diversas actividades se generarán los productos señalados al inicio de este capítulo, por lo que es posible indicar que los productores son las entidades participantes y que los consumidores serán los ganaderos de la región, especialmente los pequeños y medianos productores de leche.

En este proyecto se prevé aprovechar al máximo la experiencia y el espíritu cooperativo de Colácteos, entidad beneficiaria que facilitará la entrega de cualquier producto generado en la investigación, directamente al ganadero, de acuerdo con los resultados de la valoración genética y el diseño de los programas de apareamiento que se recomendarán de modo particular a cada productor, en función de sus necesidades de mejoramiento genético.

Igualmente se ofrecerá la asesoría técnica profesional para un correcto procedimiento que garantice la efectividad de los protocolos de recolección, obtención, conservación y uso en las fincas del semen, los embriones frescos o los embriones congelados.

Todos estos elementos serán claves para facilitar los canales de comercialización.

### 2.10.5. Análisis de la competencia

Para el análisis de la competencia fue necesario partir de un modelo que permite comparar la propuesta de producción contenida en el presente proyecto, con los realizados por empresas comerciales, aclarando que dichas empresas, si bien se dedican a la producción de semen y embriones, no realizan evaluaciones genéticas, por lo cual los productos que ellos comercializan, no tendrían el respaldo científico en cuanto a valoración objetiva de superioridad genética.

**Esta herramienta tiene el objetivo de comparar a una empresa en particular con su principal competidor.  
Al final deberá remitirse a la hoja "Variables a corregir" y "Grafica de evaluación"**

Primero, en la casilla de color amarillo escoja o digite un porcentaje de importancia relativa a los siguientes atributos, en función de la importancia para la industria en que la que se encuentra la compañía. La suma de la asignación de todos los porcentajes debe ser 100%.  
\* Si el concepto no aplica, coloque cero o deje vacía la casilla

CALIDAD	<b>8%</b>	FUERZA DE VENTAS	<b>1%</b>	PUBLICIDAD	<b>1%</b>
VARIEDAD DE PRODUCTOS	<b>6%</b>	CANALES DE DISTRIBUCIÓN	<b>5%</b>	PROMOCIONES	<b>1%</b>
EFICIENCIA EN FABRICACIÓN	<b>7%</b>	UBICACIÓN PUNTOS DE VENTA	<b>3%</b>	ESTRATEGIAS DE FIJACIÓN DE PRECIO	<b>2%</b>
TECNOLOGÍA	<b>20%</b>	PRECIO	<b>4%</b>	INSTALCIONES / INFRAESTRUCTURA	<b>10%</b>
INNOVACIÓN	<b>20%</b>	SERVICIO AL CLIENTE	<b>8%</b>	IMAGEN	<b>4%</b>
<div style="border: 2px solid black; background-color: orange; padding: 5px; display: inline-block; font-weight: bold; font-size: 1.2em;">TOTAL = 100%</div>					

El segundo paso es calificar a la empresa y a su competencia en cada uno de los atributos anteriores, con base a la siguiente escala: 1:

Deficiente manejo    2: Mal manejo    3: Manejo promedio    4: Buen manejo    5: Muy buen manejo

\* Si el concepto no aplica, deie vacia la casilla

**CALIDAD**

La calidad de los productos que ofrece su compañía 5  
 La calidad de los productos que ofrece su competencia 5

**VARIEDAD DE PRODUCTOS**

La extensión de línea que ofrece su compañía 5  
 La extensión de línea que ofrece su competencia 2

**EFICIENCIA EN FABRICACIÓN**

En caso que su compañía fabrique productos, evalúe su eficiencia 4  
 En caso que su competencia fabrique productos, evalúe su eficiencia 2

**TECNOLOGIA**

Evalúe la tecnología que su compañía tiene 5  
 Evalúe la tecnología que su competencia tiene 3

**INNOVACIÓN**

Evalúe la creatividad para estar a la vanguardia en productos, servicios, promociones, etc de su compañía 5  
 Evalúe la creatividad para estar a la vanguardia en productos, servicios, promociones, etc de su competencia 3

**SERVICIO Y ATENCIÓN AL CLIENTE**

Cantidad y/o calidad de servicio de atención que se da al cliente en su compañía 4  
 Cantidad y/o calidad de servicio de atención que se da al cliente en su competencia 3

**FUERZA DE VENTAS**

Eficiencia de la fuerza de ventas de su compañía 3  
 Eficiencia de la fuerza de ventas de su competencia 3

**CANALES DE DISTRIBUCIÓN**

Eficiencia con la que llegan los producto al consumidor final de su compañía 4  
 Eficiencia con la que llegan los producto al consumidor final de su competencia 2

**LOCALIZACIÓN DE PUNTOS DE VENTA**

Ubicación conveniente de los puntos de venta de su compañía 3  
 Ubicación conveniente de los puntos de venta de su competencia 3

**PRECIO**

Competitividad de los precios de su compañía 2  
 Competitividad de los precios de su competencia 2

**ESTRATEGIAS EN LA FIJACIÓN DE PRECIOS**

La experiencia que tiene su empresa para cambiar los precios estratégicamente para contrarrestar ofertas, políticas de precios, etc. con respecto a los demás competidores.	1
La experiencia que tiene su competencia para cambiar los precios estratégicamente para contrarrestar ofertas, políticas de precios, etc. con respecto a los demás competidores.	1

### IMAGEN

Imagen percibida por el consumidor de su empresa	4
Imagen percibida por el consumidor de su competencia	2

### INSTALACIONES / INFRAESTRUCTURA

Qué tan atractivas son sus instalaciones y/o infraestructura para sus clientes	5
Qué tan atractivas son las instalaciones y/o infraestructura de su competencia para los clientes	3

### PUBLICIDAD

Eficiencia de la comunicación efectuada por su empresa a través de los diferentes medios de comunicación.	2
Eficiencia de la comunicación efectuada por su competencia a través de los diferentes medios de comunicación.	2

### PROMOCIONES

Impulso comercial que se le da a los productos de su empresa en forma temporal y en forma selectiva para incrementar la captación del mercado.	1
Impulso comercial que se le da a los productos de su competencia en forma temporal y en forma selectiva para incrementar la captación del mercado.	1

<b>TOTAL EMPRESA</b>	<b>4,41</b>
----------------------	-------------

<b>TOTAL COMPETENCIA</b>	<b>2,83</b>
--------------------------	-------------

**EVALUE LAS  
VARIABLES A  
CORREGIR**



El segundo paso es calificar a la empresa y a su competencia en cada uno de los atributos anteriores, con base a la siguiente escala:

1:

Deficiente manejo    2: Mal manejo    3: Manejo promedio    4: Buen manejo    5: Muy buen manejo  
\* Si el concepto no aplica, deie vacia la casilla

### CALIDAD

La calidad de los productos que ofrece su compañía  
La calidad de los productos que ofrece su competencia

5
5

### VARIEDAD DE PRODUCTOS

La extensión de línea que ofrece su compañía  
La extensión de línea que ofrece su competencia

5
2

### EFICIENCIA EN FABRICACIÓN

En caso que su compañía fabrique productos, evalúe su eficiencia  
En caso que su competencia fabrique productos, evalúe su eficiencia

4
2

### TECNOLOGIA

Evalúe la tecnología que su compañía tiene  
Evalúe la tecnología que su competencia tiene

5
3

### INNOVACIÓN

Evalúe la creatividad para estar a la vanguardia en productos, servicios, promociones, etc de su compañía  
Evalúe la creatividad para estar a la vanguardia en productos, servicios, promociones, etc de su competencia

5
3

### SERVICIO Y ATENCIÓN AL CLIENTE

Cantidad y/o calidad de servicio de atención que se da al cliente en su compañía  
Cantidad y/o calidad de servicio de atención que se da al cliente en su competencia

4
3

### FUERZA DE VENTAS

Eficiencia de la fuerza de ventas de su compañía  
Eficiencia de la fuerza de ventas de su competencia

3
3

### CANALES DE DISTRIBUCIÓN

Eficiencia con la que llegan los producto al consumidor final de su compañía  
Eficiencia con la que llegan los producto al consumidor final de su competencia

4
2

### LOCALIZACIÓN DE PUNTOS DE VENTA

Ubicación conveniente de los puntos de venta de su compañía  
Ubicación conveniente de los puntos de venta de su competencia

3
3

### PRECIO

Competitividad de los precios de su compañía  
Competitividad de los precios de su competencia

2
2

### ESTRATEGIAS EN LA FIJACIÓN DE PRECIOS

## IMAGEN

Imagen percibida por el consumidor de su empresa  
Imagen percibida por el consumidor de su competencia

4
2

## INSTALACIONES / INFRAESTRUCTURA

Qué tan atractivas son sus instalaciones y/o infraestructura para sus clientes  
Qué tan atractivas son las instalaciones y/o infraestructura de su competencia para los clientes

5
3

## PUBLICIDAD

Eficiencia de la comunicación efectuada por su empresa a través de los diferentes medios de comunicación.  
Eficiencia de la comunicación efectuada por su competencia a través de los diferentes medios de comunicación.

2
2

## PROMOCIONES

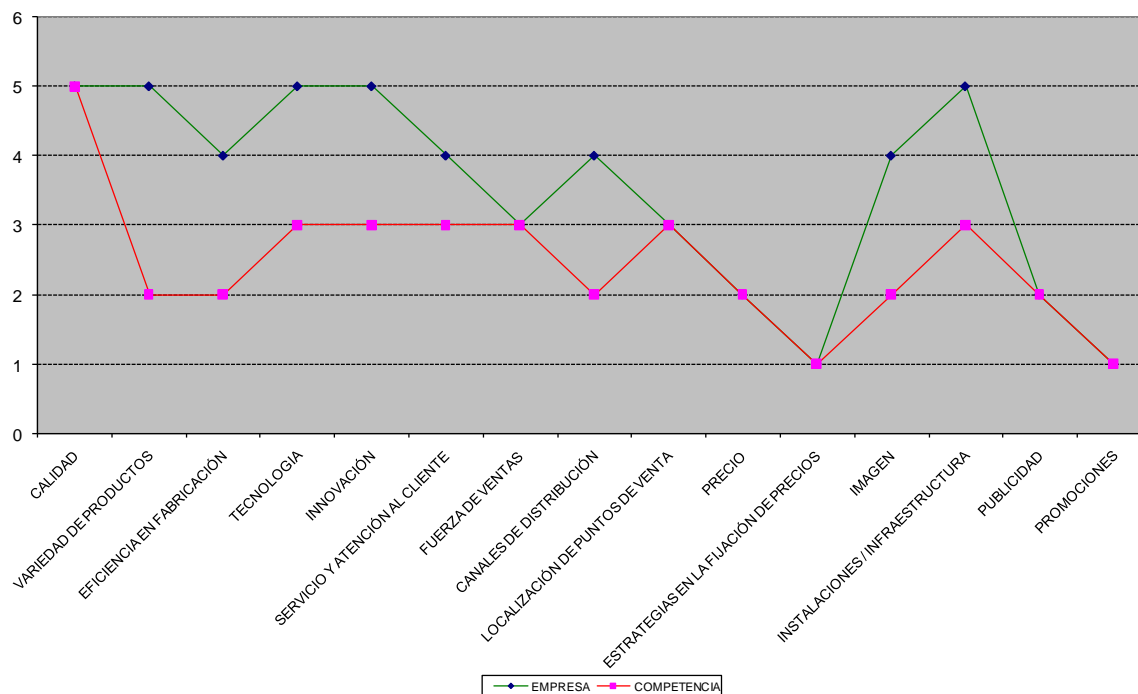
Impulso comercial que se le da a los productos de su empresa en forma temporal y en forma selectiva para incrementar la captación del mercado.  
Impulso comercial que se le da a los productos de su competencia en forma temporal y en forma selectiva para incrementar la captación del mercado.

1
1

<b>TOTAL EMPRESA</b>	<b>4,58</b>
----------------------	-------------

<b>TOTAL COMPETENCIA</b>	<b>2,9</b>
--------------------------	------------

## EVALUACIÓN COMPETENCIA



Estos resultados muestran que el ganadero tiene clara intención de modificar sus hábitos de consumo, otorgando especial importancia al proceso de selección que garantiza la identificación de los animales genéticamente superiores y que por esa condición ofrecerían mejores resultados productivos. Igualmente perciben que el uso de los modelos genómicos proporciona mayor confiabilidad en la selección que se verá reflejado en una mayor calidad de los productos generados en esta investigación.

### 2.10.6. ANÁLISIS DE LA DEMANDA

De acuerdo con la teoría del consumidor, la cantidad demandada de un producto, depende del ingreso, de los precios, tanto de los bienes sustitutos como complementarios y de los gustos o preferencias del consumidor. En este sentido, el proyecto tiene previsto realizar acciones de capacitación y educación respecto a la importancia del uso de reproductores, cuyo valor genético no corresponda a criterios subjetivos, como el gusto o la moda y que el conocimiento objetivo de su potencial genético, estimado con modelos genómicos, le confieren al semen y a los embriones un especial valor.

Los productos generados en este proyecto, se destinarán a la atención de la demanda de los mismos por parte de los ganaderos del departamento de Nariño, quienes son conscientes de la necesidad de mejorar la competitividad y productividad del sector lechero, frente a los nuevos retos y necesidades. En consecuencia, inicialmente se atenderá los municipios de Pasto, Tangua, Yacuanquer, Nariño, Buesaco, Pupiales,

Ipiales, Aldana, Gualmatán, Carlosama, Guachucal, Cumbal, Túquerres y Sapuyes, sin descartar que los resultados puedan extenderse a municipios vecinos a los citados y a otros, con características similares como los del Valle de Sibundoy en el alto Putumayo.

En los cuadros 8, 9 y 10 se consignan las cantidades estimadas por producto en el periodo indicado, en los que previa a su obtención ha mediado un proceso selectivo, donde se consideran las particularidades ambientales y las necesidades de mejoramiento en el trópico alto de Nariño.

### **Cuadro 8: Demanda de Semen Congelado**

Demanda ganaderos asociados a Colácteos

<b>AÑOS</b>	<b>CANTIDADES</b>
2011	7000
2012	7300
2013	7600
2014	7900
2015	8200
2016	8500

Demanda ganaderos asociados y no asociados a Colácteos

<b>AÑOS</b>	<b>CANTIDADES</b>
2011	0
2012	0
2013	0
2014	10600
2015	10600
2016	10600

Fuente: Promegalac año 2012

### **Cuadro 9: Demanda de Embrión Congelados**

Demanda ganaderos asociados a Colácteos

<b>AÑOS</b>	<b>CANTIDADES</b>
2011	0
2012	100
2013	200
2014	200
2015	200
2016	200

Demanda ganaderos asociados y no asociados a Colácteos

<b>AÑOS</b>	<b>CANTIDADES</b>
2011	800
2012	840
2013	880
2014	920
2015	960
2016	1000

Fuente: Promegalac año 2012

## Cuadro 10: Demanda de Embrión Fresco

Demanda ganaderos asociados a Colácteos

AÑOS	CANTIDADES
2011	0
2012	50
2013	100
2014	100
2015	100
2016	100

Demanda ganaderos asociados y no asociados a Colácteos

AÑOS	CANTIDADES
2011	600
2012	640
2013	680
2014	720
2015	760
2016	800

Fuente: Promegalac año 2012

### 2.10.7 Oferta vs Demanda

En resumen, en este proyecto se prevé la producción de un mínimo de 6000 pajillas de semen por año, 240 embriones frescos y 160 embriones congelados. Para el análisis de estas cifras es importante señalar que, que la obtención de los mencionados productos, corresponde a procesos biológicos, por lo tanto el estimativo de la cantidad presentada, toma como base el promedio de las cantidades calculadas en varios trabajos de investigación y de aplicación práctica, donde se ha observado una amplia variación en el número de embriones y pajillas obtenidas con protocolos cuidadosamente estandarizados.

Al comparar estas cantidades con las de la demanda indicada anteriormente, se puede concluir que toda la producción generada será fácilmente demandada por los ganaderos, con lo que se espera contribuir al mejoramiento genético de la población bovina en el trópico alto de Nariño y al estímulo de la futura creación de empresas privadas o mixtas dedicadas a la producción de material genético selecto en esta región, previo estudio específico sobre este punto, donde los resultados del presente proyecto proporcionarán información válida y útil para ese fin.

### 2.10.8. SEGMENTACIÓN

- **Mercado objetivo.** El mercado Objetivo son los ganaderos de los municipios de Pasto, Tangua, Yacuanquer, Nariño, Buesaco, Pupiales, Ipiales, Aldana, Gualmatán, Carlosama, Guachucal, Cumbal, Túquerres y Sapuyes.
- **Mercado Potencial:** Los demás municipios de la zona andina del departamento de Nariño y del Alto Putumayo, los cuales tendrán acceso a los productos generados en la presente investigación, en igualdad de condiciones respecto a

los ganaderos que se encuentren afiliados a la Cooperativa de Productos Lácteos de Nariño – Colácteos.

## 2.11. Cronograma de Actividades por cuatrimestres.

Actividad	Años/Cuatrimetres											
	Año 1			Año 2			Año 3			Año 4		
	1	2	3	1	2	3	1	2	3	1	2	3
Adquisición de insumos y equipos	■											
Reunión con los ganadores para definir el plan de trabajo	■											
Marcación electrónica con Dispositivos de Identificación Nacional – DIN		■	■									
Toma de Muestras para extracción de ADN		■	■									
Extracción de ADN		■	■									
Envío de muestras para genotipado a los Estados Unidos			■	■	■							
Lectura e interpretación de los SNPs identificados en el laboratorio de los Estados Unidos			■	■	■							
Clasificación Lineal del ganado		■	■									
Recolección de muestras de leche		■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Análisis de la calidad físico química y microbiológica de la leche		■	■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Entrega de informe de resultados a los ganaderos			■		■		■		■		■	
Modelación genómica y mediante modelos poligénicos lineales y no lineales			■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Selección de hembras de reemplazo			■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Selección de machos reproductores			■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Diseño del plan de apareamientos para cada finca			■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Colecta, empaque y congelación de semen de los machos seleccionados			■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Evaluación ginecológica de las hembras receptoras			■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Multiovulación de hembras donantes seleccionados			■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Colecta y transferencia de embriones			■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Colecta y congelación de embriones			■	■	■	■	■	■	■	■	■	■
Realización Seminario de capacitación y divulgación de resultados				■			■			■		■
Entrega de informe de Parcial de resultados				■			■			■		■
Publicación de un artículo científico					■						■	
Entrega del informe final de resultados.												■

## 2.12. Impactos Esperados

Impacto	Indicador	Plazo en el que se logra el impacto
<b>1. Impactos científicos y tecnológicos</b>		
<b>1.1 Formación de recursos humanos en investigación</b>	<p>dos estudiantes formados en las áreas de genómica y genética, uno en una universidad extranjera de reconocido prestigio y otro en una universidad colombiana, también de reconocido prestigio.</p> <p>Mínimo seis estudiantes de pregrado de los programas de Zootecnia y Medicina Veterinaria vinculados a diversas actividades del proyecto y a la realización de trabajos de culminación de estudios</p>	Al finalizar el proyecto
<b>1.2 Dotación de laboratorios</b>	Dos laboratorios de la Universidad de Nariño, uno de mejoramiento genético y otro de tecnología de leches dotados con nuevos equipos y elemento	Al finalizar el proyecto
<b>1.3 Consolidación de las capacidades para realizar actividades de investigación y desarrollo en la Universidad de Nariño</b>	<p>Mínimo una propuesta para la creación de programas de posgrado en el nivel de maestría</p> <p>Mínimo una propuesta de cursos para programas de doctorado de la Universidad de Nariño o de otros que ésta tenga en convenio con otras instituciones</p>	<p>En el mediano plazo</p> <p>En el mediano plazo</p>



1.4 Redes de información y colaboración científica y tecnológica	Mínimo una red nacional o internacional a la que se vincula el grupo responsable del proyecto	Al finalizar el proyecto
<b>IMPACTO</b>	<b>INDICADOR</b>	<b>PLAZO EN EL QUE SE LOGRA EL IMPACTO</b>
1.5 Mejoramiento de la oferta de servicios tecnológicos	Mínimo un laboratorio acreditado para ofrecer servicios a la comunidad en genética o tecnología de leches	En el mediano plazo
<b>2. Impactos sobre la productividad y competitividad</b>		
2.1 Mejoramiento de la productividad y la calidad	<p>Incremento de los porcentajes de grasa y proteína en la población bovina evaluada, no inferior al 5% del promedio de la población base, en cada generación seleccionada</p> <p>Aumento en el tiempo de vida útil de los animales, en por lo menos una lactancia mas, por efecto de los cambios en la conformación anatómica apropiada para el trópico alto de Nariño, debida al proceso selectivo</p>	En el mediano y largo plazo, por lo menos cinco años después de haberse identificado los reproductores de mayor mérito genético para la primera generación seleccionada
2.2 Regiones y comunidades beneficiadas por el proyecto	Mínimo 14 municipios productores de leche en la región andina del departamento de Nariño	Al finalizar el proyecto
<b>3. Impactos sobre el medio ambiente y la sociedad</b>		
3.1 Mejoramiento de la calidad en el medio	Mínimo 70 fincas, que por la	En el largo plazo

ambiente	utilización de animales más apropiados para las condiciones del trópico alto de Nariño, tienen menores demandas nutricionales y contaminan menos que los animales poco aptos para esta zona	
<b>IMPACTO</b>	<b>INDICADOR</b>	<b>PLAZO EN EL QUE SE LOGRA EL IMPACTO</b>
<b>3.2 Preservación de la biodiversidad</b>	Mayor conocimiento de la estructura genética de la población bovina del trópico alto de Nariño, gracias a la utilización de marcadores densos de ADN.  (Indicador cualitativo)	Al finalizar el proyecto
<b>3.3 Mejoramiento de la calidad de vida</b>	Mejor calidad de vida de los productores de leche, por el aumento en los ingresos al utilizar animales más productivos  Creación de una empresa privada, pública o mixta, constituida con el fin de producir comercialmente animales genéticamente superiores y con ello se genera empleo calificado y no calificado en la región, elemento esencial para el mejoramiento de la calidad de vida	En el mediano y largo plazo  En el largo plazo

## 2.13. ASPECTOS DE PROPIEDAD INTELECTUAL

La propiedad intelectual relacionada con los impactos o resultados generados en el presente proyecto corresponde en igualdad de condiciones a la Universidad de Nariño, la Universidad de La Florida y la Cooperativa de Productos Lácteos de Nariño – Colácteos, tal como consta en el documento correspondiente, suscrito por los representantes legales de las tres entidades antes mencionadas.

## BIBLIOGRAFÍA

1. Agronet. 2009. [www.agronet.gov.co](http://www.agronet.gov.co)
2. Akhter, M.A, Jalil, Biplob Kumer Roy, Miah, G. y Saheb Ali, Md. 2004. Key implementation of multiple ovulation and embryo transfer technology in native cattle. En: internet: [www.blri.gov.bd/admin/tech\\_files/](http://www.blri.gov.bd/admin/tech_files/)
3. Alais, Ch. 1985. Ciencia de la leche. Principios de la técnica lechera. Editorial Reverté. S. A. Barcelona. 873p.
4. Alexander D.H., Novembre J. & Lange K. 2009. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. *Genome research* 19, 1655-1664.
5. Barrett J.C., Fry B., Maller J. & Daly M.J. 2005. Haploview: analysis and visualization of LD and haplotype maps. *Bioinformatics (Oxford, England)* 21, 263-265.
6. Boldman, K. G., L. A. Kriese, L. D. Van Vleck, and S. D. Kachman. 1993. A manual for use of MTDFRML: A set of programs to obtain estimates of variances and covariances. U. S . Department of Agriculture, Agricultural Research Service. 120 p.
7. Bionaz M., Periasamy K., Rodriguez-Zas S.L., Everts R.E., Lewin H.A., Hurley W.L. & Looor J.J. 2012. Old and new stories: revelations from functional analysis of the bovine mammary transcriptome during the lactation cycle.
8. Bohmanova J., Sargolzaei M. & Schenkel F.S. 2010. Characteristics of linkage disequilibrium in North American Holsteins. *BMC genomics* 11, 421-2164-11-421.
9. Browning B.L. & Browning S.R. 2009. A unified approach to genotype imputation and haplotype-phase inference for large data sets of trios and unrelated individuals. *American Journal of Human Genetics* 84, 210-223.
10. Callesen, H, Liboriussen and T, Greve, T. 1996. Practical aspects of multiple ovulation-embryo transfer in cattle. *Animal Reproduction Science* 42:205-214.
11. Cerón M., Napolis Costa C, Tonhati H., Rojas D. y Maldonado J. 2004. Interaction genotype-environment at the first calving age in brazilian and colombian Holstein Cattle. *Journal Of Dairy Science*. p.2455 – 2458.

12. CONAFE. Confederación Nacional Frisona española. 2010. Manual de control lechero. [uco.es/zootecniaygestion/img/pictorex/01\\_11\\_41\\_manual\\_control\\_lechero.pdf](http://uco.es/zootecniaygestion/img/pictorex/01_11_41_manual_control_lechero.pdf)
13. CORPOICA SF. Guía del usuario de CORPOLAC. [www.corpoica.org.co/sitioweb/Archivos/Foros/guideusuariocorpolac.pdf](http://www.corpoica.org.co/sitioweb/Archivos/Foros/guideusuariocorpolac.pdf)
14. de Ross A.P., Hayes B.J., Spelman R.J. & Goddard M.E. 2008. Linkage disequilibrium and persistence of phase in Holstein-Friesian, Jersey and Angus cattle. *Genetics* 179, 1503-1512.
15. D'Occhio, M.J, Aspden, W.J, Trigg, T.E. 2001. Sustained testicular atrophy in bulls actively immunized against GnRH: potential to control carcass characteristics. *Animal Reproduction Science* 66: 47-58.
16. Elzo, M.A. 2011. Bovine Multibreed Evaluation in Colombia: From Genetics to Genomics. 2nd Int. Symp. Genomics and Modeling of New Scenarios for Tropical Livestock Production, Palmira, Colombia.
17. FAO. Genomics in food and agriculture. 2011. <http://www.fao.org/biotech/biotech-add-edit-section/biotech-add-edit-news/biotech-news-detail/en/c/169019/>
18. FEDEGAN. Federación Colombiana de Ganaderos. 2012. En: [www.fedegan.org.co](http://www.fedegan.org.co)
19. Fernando, R. L., and M. Grossman. 1998. Marker assisted selection using best linear unbiased prediction. *Genet. Sel. Evol.* **21**: 467–477.
20. García, A, Hernández, C.J, Valencia, M.J. 2001. Efecto de la administración de líquido folicular equino libre de esteroides durante la fase lútea sobre la tasa de ovulación en ovejas Rambouillet. *Veterinaria México* 32.
21. Gianola D., De los Campos G., Hill W.G., Manfredi E. & Fernando R. 2009. Additive genetic variability and the Bayesian alphabet. *Genetics* 183, 347-363.
22. Goddard M. 2009. Genomic selection: prediction of accuracy and maximisation of long term response. *Genetica* 136, 245-257.
23. Grisart B., Coppieters W., Farnir F., Karim L., Ford C., Berzi P., Cambisano N., Mni M., Reid S., Simon P., Spelman R., Georges M. & Snell R. 2002. Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition. *Genome research* 12, 222-231.

24. Habier D., Fernando R.L. & Dekkers J.C.M. 2009. Genomic Selection Using Low-Density Marker Panels. *Genetics* 182, 343-353.
25. Harris B.K. & Johnson D.L. 2012. Genomic predictions for New Zealand dairy bulls and integration with national genetic evaluation *Journal of dairy science* 93, 1243-1252.
26. Hayes B.J., Bowman P.J., Chamberlain A.J. & Goddard M.E. 2009. Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of dairy science* 92, 433-443.
27. Hayes, B.J., Goddard M.E. & Vissler P .2009 b. Increased accuracy of artificial selection by using the realized relationship matrix. *Genetic Research* 91, 47–60.
28. Henderson, C.R. 1975. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection. model. *Biometrics*, 31 (2), 423-447.
29. Henderson C.R. 1976. A Simple Method for Computing the Inverse of a Numerator Relationship Matrix Used in Prediction of Breeding Values. *Biometrics* 32, 69-83
30. Henderson Jr., C. R. 1982. Analysis of covariance in the mixed model: higher level, non homogeneous and random regressions. *Biometrics* 38: 623-64
31. Hill, W, & Robertson A. 1968. Linkage disequilibrium in finite populations. *Theor. Appl. Genet.* 38:226–231
32. Jamrozik J., Schaeffer, L. R. y Dekkers, J. C. 1997. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and random regression model. *Journal Dairy Science* 80: 1217-1226
33. Kastelic, J.P. 1994. Understanding ovarian follicular development in cattle. *Veterinary Medicine* p. 64-71.
34. Kizilkaya K., Fernando R.L. & Garrick D.J. 2010. Genomic prediction of simulated multibreed and purebred performance using observed fifty thousand single nucleotide polymorphism genotypes. *Journal of animal science* 88, 544-551.
35. Kolbehdari D., Wang Z., Grant J.R., Murdoch B., Prasad A., Xiu Z., Marques E., Stothard P. & Moore S.S. 2009. A whole genome scan to map QTL for milk production traits and somatic cell score in Canadian Holstein bulls. *Journal of animal breeding and genetics* 126, 216-227.
36. Laird, N. M. y Ware, J. H. 1982. Random effects models for longitudinal data. *Biometrics* 38: 963-974.

37. Legarra A., Aguilar I. & Misztal I. 2008. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *Journal of dairy science* 92, 4656-4663.
38. Maltecca C., Weigel K.A., Khatib H., Cowan M. & Bagnato A. 2009. Whole-genome scan for quantitative trait loci associated with birth weight, gestation length and passive immune transfer in a Holstein x Jersey crossbred population. *Animal Genetics* 40, 27-34.
39. Mäntysaari, E., Z. Liu, and P. VanRaden. 2010. Interbull validation test for genomic evaluations. Interbull Bull. En: [www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin41/matysaari.pdf](http://www-interbull.slu.se/bulletins/bulletin41/matysaari.pdf)
40. Matarranz, A. 2007. ¿Cuánto de innovador es un producto o tecnología?. <http://conversisconsulting.com/2007/07/07/¿Cuánto-de-innovador-es-un-producto-o-tecnología/>
41. Matukumalli L.K., Lawley C.T., Schnabel R.D., Taylor J.F., Allan M.F., Heaton M.P., O'Connell J., Moore S.S., Smith T.P.L., Sonstegard T.S. & Van Tassell C.P. 2009. Development and Characterization of a High Density SNP Genotyping Assay for Cattle. *PLoS ONE*, e5350.
42. Meuwissen T.H., Hayes B.J. & Goddard M.E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157, 1819-1829.
43. Meyer, K. 1993. DFREML version 2.1. User notes. University of New England. Armidale, Australia. 27 p.
44. Meyer K. 2007. WOMBAT - A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood. En:
45. Misztal I. 2008. Reliable computing in estimation of variance components. *Journal of animal breeding and genetics* 125, 363-370.
46. Montaldo H and Barría N. 1998. Mejoramiento Genético de Animales. Ciencia al día. Nº 2. En: <http://www.ciencia.cl/CienciaAlDia/volumen1/numero2/articulos/articulo3.html>
47. Olson K.M., Vanraden P.M., Tooker M.E. & Cooper T.A. 2011. Differences among methods to validate genomic evaluations for dairy cattle. *Journal of dairy science* 94, 2613-2620.
48. Olsen H.G., Meuwissen T.H., Nilsen H., Svendsen M. & Lien S. 2008. Fine mapping of quantitative trait Loci on bovine chromosome 6 affecting calving difficulty. *Journal of dairy science* 91, 4312-4322.
49. Patry C. & Ducrocq V. 2011. Evidence of biases in genetic evaluations due to genomic preselection in dairy cattle. *Journal of dairy science* 94, 1011-1020.

50. Pérez P., de Los Campos G., Crossa J. & Gianola D. 2010. Genomic-Enabled Prediction Based on Molecular Markers and Pedigree Using the Bayesian Linear Regression Package in R. *The plant genome* 3, 106-116.
51. Programa de mejoramiento Genético. 2009. Informe final de resultados. En: <http://promegalac.udenar.edu.co>
52. Purcell S., Neale B., Todd-Brown K., Thomas L., Ferreira M.A., Bender D., Maller J., Sklar P., de Bakker P.I., Daly M.J. & Sham P.C. 2007. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics* 81, 559-575.
53. Qanbari S, Pimentel E, Tetens J, Thaller G, Lichtner P, Sharifi A & Simianer H. 2010. The pattern of linkage disequilibrium in German Holstein cattle. *Anim Genet.* 41(4):346
54. Sargolzaei M, Schenkel F, Jansen G, & Schaeffer L. 2008. Extent of Linkage Disequilibrium in Holstein Cattle in North America. *J. Dairy Sci.* 91:2106–2117
55. Schaeffer L.R. 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *Journal of animal breeding and Genetics* 123, 218-223.
56. Seidenspinner T., Bennewitz J., Reinhardt F. & Thaller G. 2009. Need for sharp phenotypes in QTL detection for calving traits in dairy cattle. *Journal of animal breeding and genetics = Zeitschrift fur Tierzucht und Zuchtungsbiologie* 126, 455-462.
57. Solarte CE, Zambrano GL. 2012. Characterization and Genetic Evaluation of Holstein Cattle in Nariño, Colombia. *Rev Colomb Cienc Pecu.* 25:539-547.
58. VanRaden P.M. 2008. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. *Journal of dairy science* 91, 4414-4423.
59. VanRaden P.M., O'Connell J.R., Wiggans G.R. & Weigel K.A. 2011. Genomic evaluations with many more genotypes. *Genetics, selection, evolution : GSE* 43, 10-9686-43-10.
60. VanRaden P.M., Null D.J., Sargolzaei M., Wiggans G.R., Tooker M.E., Cole J.B., Sonstegard T.S., Connor E.E., Winters M., van Kaam J.B., Valentini A., Van Doormaal B.J., Faust M.A. & Doak G.A. 2013. Genomic imputation and evaluation using high-density Holstein genotypes. *Journal of dairy science* 96, 668-678.
61. Villa-Angulo R, Lakshmi K, Matukumalli C. Gill A, Jungwoo Ch, Curtis P, Van Tassell C and Grefenstette J. 2009. High-resolution haplotype block structure in the cattle genome. *BMC Genetics* 10:19

62. Walstra P., Wouters J. and Geurts T. 2006. Dairy Science and Technology. Second Edition. CRC Press. Boca Ratón. USA
63. Weigel K.A., de Los Campos G., Vazquez A.I., Rosa G.J., Gianola D. & Van Tassell C.P. 2010. Accuracy of direct genomic values derived from imputed single nucleotide polymorphism genotypes in Jersey cattle. *Journal of dairy science* 93, 5423-5435.
64. Wiggans G.R., VanRaden P.M., Bacheller L.R., Tooker M.E., Hutchison J.L., Wiggans G.R., Sonstegard T.S., VanRaden P.M., Matukumalli L.K., Schnabel R.D., Taylor J.F., Zhang Z., Liu J., Ding X., Bijma P., de Koning D.J. & Zhang Q. 2010. Best linear unbiased prediction of genomic breeding values using a trait-specific marker-derived relationship matrix. *PloS one* 5, e12648.
65. Wiggans G.R., Vanraden P.M. & Cooper T.A. 2011. The genomic evaluation system in the United States: past, present, future. *Journal of dairy science* 94, 3202-3211.
66. Zhao H, Nettleton D & Dekkers J. 2007. Evaluation of linkage disequilibrium measures between multi-allelic markers as predictors of linkage disequilibrium between single nucleotide polymorphisms. *Genet. Res.* 89:1–6.



## LISTADO DE ANEXOS

- Anexo 1.** Resumen de las hojas de vida de los investigadores principales del proyecto.
- Anexo 2.** Presupuesto detallado del proyecto.
- Anexo 3.** Justificación de los profesionales a contratar y perfiles mínimos requeridos.
- Anexo 4.** Cotizaciones base de los equipos más relevantes para el desarrollo del proyecto.

Anexo 1. Resumen de las hojas de vida de los investigadores principales del proyecto.

<b>FORMATO RESUMEN HOJA DE VIDA</b>				
<b>(A) IDENTIFICACIÓN DEL INVESTIGADOR PRINCIPAL O CO-INVESTIGADOR:</b> Favor diligenciar datos de identificación (nombre completo y cédula de ciudadanía) según constan en documento de identidad.				
<b>Apellidos:</b> Solarte Portilla				
<b>Nombres:</b> Carlos Eugenio				
<b>Fecha de Nacimiento:</b> 09-08-1960				
<b>Nacionalidad:</b> Colombiana				
<b>Documento de Identidad:</b> 12970772				
<b>Entidad</b>	<b>donde</b>	<b>labora:</b>	Universidad	de Nariño
<b>Tel/fax:</b> 7312289-292				
<b>Cargo o posición actual:</b> Docente Investigador - Universidad de Nariño.				
<b>(B) TÍTULOS ACADÉMICOS OBTENIDOS</b> (área/disciplina, universidad, año)				
1. Zootecnista, universidad de Nariño, 1984				
2. Magister Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia Posgrados, Universidad Nacional de Colombia – Sede Bogotá, 1992. Línea genética y mejoramiento animal				
3. Doctorado en Ciencias veterinarias, Universidad Agraria de la Habana, 2000. Línea genética y mejoramiento animal.				
<b>(C) CAMPOS DE LA CIENCIA Y LA TECNOLOGÍA EN LOS CUALES ES EXPERTO</b>				
1. Zootecnia				
2. Genética y Mejoramiento Animal				
<b>(D) CARGOS DESEMPEÑADOS</b> (tipo de posición, institución, fecha) en los últimos 5 años.				
1. Profesor investigador, universidad de Nariño, desde 1993				
2. Profesor coordinador del Programa de Mejoramiento Genético de la Universidad de Nariño, desde 2007				
3. Par evaluador designado por Consejo Nacional Acreditación CNA para visitas con fines de acreditación a las Universidades Nacional de Colombia, UPTC, Unillanos, Uniamazonia, Del Tolima, en Ibagué y en la extensión de Cali. Entre 2005 y 2013				
4. Integrante del panel evaluador de la convocatoria del MADR en 2008				
5. Integrante del panel evaluador de dos convocatorias de Colciencias. 2010				

6. Evaluador de trabajos de posgrado en la Universidad del Valle.
7. Evaluador de trabajos de posgrado en la Universidad del Antioquia
8. Evaluador de trabajos de posgrado en la Universidad nacional de Colombia
9. Profesor visitante de posgrado Universidad Técnica de Manabí (Ecuador) .2009
10. Miembro actual de los comités editoriales de las revistas Medicina Veterinaria de la Universidad de Caldas y de la Revista de Ciencia pecuaria de la Universidad de Nariño.

**(E) PUBLICACIONES RECIENTES** (Por lo menos las cinco publicaciones más importantes que hayan hecho en los últimos cinco años, incluyendo el ISBN o ISSN SEGÚN EL CASO)

1. Capítulo Relationship Between Kappa Casein Genes (Csn3) and Industrial Yield in Holstein Cows in Nariño-Colombia en el Libro Milk Protein: ISBN 978-953-51-0743-9. 2012.
2. Artículo Revista Colombiana de Ciencias pecuarias: Characterization and Genetic Evaluation of Holstein Cattle in Nariño, Colombia. ISSN 0120-0690. 2012.
3. Artículo Revista Mvz Córdoba: Comparación de Metodologías Moleculares para Identificar el Gen de Kappa Caseína en Ganado Holstein. ISSN 0122-0268. 2012.
4. Artículo Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias: Análisis Molecular del Gen de Beta Caseína, Mediante PCR-RFLP y su Relación con las Características Productivas y Rendimiento Quesero en Hembras Holstein del Trópico Alto de Nariño. ISSN 0120-0690. 2011.
5. Artículo Revista Livestock Research For Rural Development: Polimorfismo de las fracciones caseínicas de la leche en bovinos holstein del Trópico Alto de Nariño. ISSN 0121-3784. 2011.
6. Artículo Revista Genetics and Molecular Biology: Genetic diversity and population structure of the Guinea pig (*Cavia porcellus*, Rodentia, caviidae) in Colombia. ISSN 1678-4885. 2011.
7. Artículo Revista Colombiana de Ciencias pecuarias: Kappa casein genotypes and curd yield in Holstein cows. ISSN 0120-0690. 2010.
8. Artículo Revista Lasallista de Investigación: Efecto del Tamaño de Camada y Número de Parto en el Crecimiento de Cuyes (*cavia porcellus rodentia* : Caviidae). ISSN 1794-4449. 2010.
9. Artículo Revista Livestock Research For Rural Development: El Cuy Genético. ISSN 0121-3784. 2010.
10. Artículo Revista Livestock Research For Rural Development: Frecuencias Alélicas del Gen Kappa Caseína en la Raza Holstein del Trópico Alto de Nariño – Colombia. ISSN 0121-3784. 2009.
11. Artículo Revista Universitas Médica: Caracterización Genética de Cuyes *Cavia Porcellus* (Rodentia; Caviidae) Mediante Marcadores Moleculares Microsatélites. ISSN 2011-0839. 2009.
12. Artículo Revista Colombiana de Ciencias pecuarias: Relación entre los

Genotipos de la Kappa Caseína, el Contenido Proteínico Total de la Leche y el Rendimiento en Cuajada de los Bovinos Holstein en el Trópico Alto de Nariño. ISSN 0120-0690. 2009.

13. Artículo Revista Livestock Research For Rural Development: Comparación de Modelos no Lineales para Describir Curvas de Crecimiento en Cuyes (*Cavia porcellus*) Desde el Nacimiento Hasta la Edad de Sacrificio. ISSN 0121-3784. 2008.

### FORMATO RESUMEN HOJA DE VIDA

**(A) IDENTIFICACIÓN DEL INVESTIGADOR PRINCIPAL O CO-INVESTIGADOR:** Favor diligenciar datos de identificación (nombre completo y cédula de ciudadanía) según constan en documento de identidad.

**Apellidos:** Elzo

**Nombres:** Mauricio A.

**Fecha de Nacimiento:** 23 de noviembre de 1951

**Nacionalidad:** USA

**Documento de Identidad:** 047009048 (Pasaporte USA)

**Entidad donde labora:** Universidad de Florida **Tel/fax:** 1-352-392-7564

**Cargo o posición actual:** Profesor **Tel/fax:** 1-352-392-7652

**(B) TÍTULOS ACADÉMICOS OBTENIDOS** (área/disciplina, universidad, año)

1. Médico Veterinario, Universidad Austral de Chile, Valdivia, Chile, 1983.
2. Ph.D. Genética, Universidad de California, Davis, USA, 1974.

**(C) CAMPOS DE LA CIENCIA Y LA TECNOLOGÍA EN LOS CUALES ES EXPERTO**

1. Genética y Mejoramiento Animal
2. Genética Cuantitativa
3. Genómica Cuantitativa

**(D) CARGOS DESEMPEÑADOS** (tipo de posición, institución, fecha) en los últimos 5 años.

1. Profesor, Genética y Mejoramiento Animal, Universidad de Florida, desde Julio 1, 1999 al presente.

**(E) PUBLICACIONES RECIENTES**

(Por lo menos las cinco publicaciones más importantes que hayan hecho en los últimos cinco años, incluyendo el ISBN o ISSN SEGÚN EL CASO)

2. Toledo, H. O.\*, J. M. Berruecos, C. G. Vásquez, F. J. Ruiz, and M. A. Elzo. 2013. Estimation of genetic parameters for milk production under two data recording systems in Holstein dairy populations in Mexico. *Mexican J. Anim.*

- Sci. (In press)
3. Elzo, M. A., C. A. Martinez, G. C. Lamb, D. D. Johnson, M. G. Thomas, I. Misztal, D. O. Rae, J. G. Wasdin, and J. D. Driver. 2013. Genomic-polygenic evaluation for ultrasound and weight traits in Angus-Brahman multibreed cattle with the Illumina3k chip. *Livest. Sci.* 153:39-49.
  4. Gebreyohannes, G. \*, S. Koonawootrittriron, M. A. Elzo, and T. Suwanasopee. 2013. Fitness of lactation curve functions to daily and monthly test-day milk data in an Ethiopian multi-breed dairy cattle population. *Kasetsart J. Nat. Sci.* 47: 60-73.
  5. Jeon, S. J. \*, M. A. Elzo, N. DiLorenzo, G. C. Lamb, and K. C. Jeong. 2013. Evaluation of animal genetic and physiological factors that affect the prevalence of *Escherichia coli* O157 in cattle. *PLoS One* 8:e55728.
  6. Mercadante, P. M. \*, K. M. Bischoff, V. R. G. Mercadante, G. C. Lamb, M. A. Elzo, S. E. Johnson, D. O. Rae, J. V. Yelich, and A. D. Ealy. 2013. Subspecies differences in early fetal development and plasma pregnancy associated glycoprotein concentrations in cattle. *J. Anim. Sci.* (In press)
  7. Akhtar, M. \*, K. Javed, H. M. Abdullah, N. Ahmad, and M. A. Elzo. 2012. Environmental factors affecting preweaning growth traits of Buchi sheep in Pakistan. *J. Anim. Plant Sci.* 22: 529-536.
  8. Bolívar, D. M. \*, M. F. Cerón, and M.A. Elzo. 2012. Postweaning growth of performance-tested buffaloes (*Bubalus bubalis*, *Artiodactyla*, *Bovidae*) reared under no-milking versus a dual-purpose system. *Col. J. Anim. Sci.* 25:566-576.
  9. Elzo, M. A., D. D. Johnson, J. G. Wasdin, and J. D. Driver. 2012. Carcass and meat palatability breed differences and heterosis effects in an Angus-Brahman multibreed population. *Meat Sci.* 90: 87-92.
  10. Elzo, M. A., G. C. Lamb, D. D. Johnson, M. G. Thomas, I. Misztal, D. O. Rae, C. A. Martinez, J. G. Wasdin, and J. D. Driver. 2012. Genomic-polygenic evaluation of Angus-Brahman multibreed cattle for feed efficiency and postweaning growth using the Illumina3k chip. *J. Anim. Sci.* 90:2488-2497.
  11. Jattawa, D. \*, S. Koonawootrittriron, M. A. Elzo, and T. Suwanasopee. 2012. Somatic Cells Count and Its Genetic Association with Milk Yield in Dairy Cattle Raised under Thai Tropical Environmental Conditions. *Asian-Aust. J. Anim. Sci.* 25:1216-1222.

## FORMATO RESUMEN HOJA DE VIDA

**(A) IDENTIFICACIÓN DEL INVESTIGADOR PRINCIPAL O CO-INVESTIGADOR:**  
Favor diligenciar datos de identificación (nombre completo y cédula de ciudadanía) según constan en documento de identidad.

**Apellidos:** Jurado Gámez

**Nombres:** Henry Armando

**Fecha de Nacimiento:** 23 de diciembre

**Nacionalidad:** Colombiana

**Documento de Identidad:** 98377922

**Entidad donde labora:** Universidad de Nariño da **Tel/fax:** 7314482

**Cargo o posición actual:** Docente Tiempo Completo Programa de Zootecnia

**(B) TÍTULOS ACADÉMICOS OBTENIDOS** (área/disciplina, universidad, año)

1. Ph.D. Ingeniería de Alimentos, Universidad del Valle, 2010.
2. M.Sc. Microbiología Agropecuaria, Universidad de Estadual Paulista, Sao Paulo, Brasil, 2002.
3. Especialista Microbiología, Universidad Católica de Manizales, 1998.
4. Zootecnista, Universidad de Nariño, 1994.

**(C) CAMPOS DE LA CIENCIA Y LA TECNOLOGÍA EN LOS CUALES ES EXPERTO**

1. Tecnología de leches
2. Tecnología de carnes
3. Microbiología Aplicada a la Producción Animal
4. Procesos Biotecnológicos aplicados a la producción **animal**

**(D) CARGOS DESEMPEÑADOS** (tipo de posición, institución, fecha) en los últimos 5 años.

1. Docente Tiempo Completo Programa de Zootecnia, Facultad de Ciencias Pecuarias, Universidad de Nariño.

**(E) PUBLICACIONES RECIENTES** (Por lo menos las cinco publicaciones más importantes que hayan hecho en los últimos cinco años, incluyendo el ISBN o ISSN SEGÚN EL CASO):

1. MARIO FERNANDO CERON MUNOZ, UMBERTO TONATY, MILTON BEROCAL, HENRY ARMANDO JURADO GAMEZ, "Factors affecting Somatic Cell Counts and Their Relations with Milk and Milk Constituent Yield in Buffaloes." . En: Estados Unidos Journal Of Dairy Science *ISSN: 0022-0302*

ed: v.fasc. p.-2002.

2. HENRY ARMANDO JURADO GAMEZ, CRISTINA RAMÍREZ TORO, DIANA CASTAÑO ZULUAGA, "Evaluación de *Lactobacillus plantarum* en intestino grueso de lechones por microscopía electrónica y químicas sanguínea" .En: Colombia Revista Mvz Córdoba ISSN: 0122-0268 ed: Editorial Universidad de Córdoba v.16 fasc.2 p.2538 - 2548 ,2011.
3. HENRY ARMANDO JURADO GAMEZ, HÉCTOR FABIO VALENCIA RÍOS, CARMEN HELENA MORAN, "Mastitits subclínica y su sensibilidad en antibióticos en hatos lecheros del suroccidente de Pasto". En: Colombia Revista Centro de Estudios En Salud Universidad de Nariño ISSN: 0 ed: v.fasc. p. - ,2003.
4. HENRY ARMANDO JURADO GAMEZ, FERNANDO ANTONIO DE AVILA, RIGOBELLO EC, FERNANDESSA, MARIN JM, "Diarréia bovina: estudio do perfil etiológico, virulência e resistência a antimicrobianos de agentes isolados de bezerros da região de Ribeirão Preto-SP, Brasil. ARS Veterinaria, Jaboticabal-SP, v. 22, n. 3, p. 22-30, 2006.". En: Brasil Ars Veterinaria ISSN: 0102-6380 ed: v.22 fasc.3 p.22 - 30 ,2006.
5. HENRY ARMANDO JURADO GAMEZ, AMBROSIM J A, FERNANDO ANTONIO DE AVILA, RIGOBELLO EC, MARIN JM, "Virulence factors of *Escherichia coli* isolated from diarrheic calves.". En: Brasil Arquivo Brasileiro De Medicina Veterinaria E Zootecnia ISSN: 0102-0935 ed: v.58 fasc. p.305 - 310 ,2006.
6. HENRY ARMANDO JURADO GAMEZ, "CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS PROBIÓTICAS AISLADAS DEL INTESTINO GRUESO DE CERDOS COMO ALTERNATIVA AL USO DE ANTIBIÓTICOS". En: Colombia Revista Mvz Córdoba ISSN: 0122-0268 ed: Editorial Universidad de Córdoba v.14 fasc.2 p.50 - 63 ,2010.
7. HENRY ARMANDO JURADO GAMEZ, "EFECTO DE BIOCONSERVACIÓN DE CARNE MOLIDA DE CERDO, TIPO HAMBURGUESA CON *Lactobacillus acidophilus* cepa ATCC 4356 y *Staphylococcus carnosus* NRRLO2". En: Colombia Revista Alimentos Hoy ISSN: 2027-291X ed: Asociación Colombiana De Ciencia y Tecnología De Alimentos Acta v.1 fasc.16 p.5 - 14 ,2009.
8. HENRY ARMANDO JURADO GAMEZ, ""Bacterias lácticas probióticas en alimentación de suinos en levante"" En: Alemania 2011. ed: EDITORIAL ACADÉMICA ESPAÑOLA ISBN: ISBN 978-3-8454-8329 v. 1 págs. 228.
9. HENRY ARMANDO JURADO GAMEZ, "CARACTERIZACIÓN DE MICROORGANISMOS CAUSANTES DE MASTITIS SUBCLÍNICA Y SU SENSIBILIDAD A ANTIBIÓTICOS EN HATOS LECHEROS" En: Alemania 2011. ed: EDITORIAL ACADÉMICA ESPAÑOLA ISBN: 978-3-8465-6609-1 v. 1 págs. 83.

## FORMATO RESUMEN HOJA DE VIDA

**(A) IDENTIFICACIÓN DEL INVESTIGADOR PRINCIPAL O CO-INVESTIGADOR:** Favor diligenciar datos de identificación (nombre completo y cédula de ciudadanía) según constan en documento de identidad.

**Apellidos:** Rosero Galindo

**Nombres:** Carol Yovanna

**Fecha de Nacimiento:** 2 de Septiembre de 1975

**Nacionalidad:** Colombiana

**Documento de Identidad:** 66946803 de Cali

**Entidad donde labora:** Universidad de Nariño **Tel/fax:** 7311449

**Cargo o posición actual:** Docente-Investigadora Departamento de Biología / Tel/fax: 7311449.

**(B) TÍTULOS ACADÉMICOS OBTENIDOS** (área/disciplina, universidad, año)

1. Bióloga Genética, Genetista, Universidad del Valle - 1998
2. Magister en Ciencias-Biología, área de genética y biología molecular. Universidad del Valle - 2003
3. Doctora en Ciencias-Biología, área de genética evolutiva y biología molecular. Universidad del Valle e Instituto Oswaldo Cruz (Brasil) 2011.

**(C) CAMPOS DE LA CIENCIA Y LA TECNOLOGÍA EN LOS CUALES ES EXPERTO**

1. Genética evolutiva de especies tropicales
2. Biología Molecular
3. Mejoramiento genético asistido con marcadores de ADN

**(D) CARGOS DESEMPEÑADOS** (tipo de posición, institución, fecha) en los últimos 5 años.

1. **Universidad Cooperativa de Colombia**  
Docente-Investigador  
Facultad de Medicina  
2011-Actual
2. **Programa de Mejoramiento Genético Animal**  
Universidad de Nariño  
Directora Laboratorio de Mejoramiento Genético  
Asesora Línea de Biología Molecular  
2007-2009
3. **Universidad del Valle**  
Docente-Investigador  
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales  
Departamento de Biología  
1999-2006.



**(E) PUBLICACIONES RECIENTES** (Por lo menos las cinco publicaciones más importantes que hayan hecho en los últimos cinco años, incluyendo el ISBN o ISSN SEGÚN EL CASO)

1. GEMA LUCIA ZAMBRANO BURBANO, YOHANA MELISSA ERASO CABRERA, CARLOS EUGENIO SOLARTE PORTILLA, CAROL YOVANNA ROSERO GALINDO, "Relation ship Between Kappa Casein Genes (Csn3) and Industrial Yield in Holstein Cows in Nariño-Colombia" Milk Protein. En: Colombia ISBN: 978-953-51-0743-9 v., p.265-282, 2012.
2. CARLOS EUGENIO SOLARTE PORTILLA, CAROL YOVANNA ROSERO GALINDO, YOHANA MELISSA ERASO CABRERA, "Comparación de Metodologías Moleculares para Identificar el Gen de Kappa Caseína en Ganado Holstein.". En: Colombia Revista Mvz Córdoba ISSN: 0122-0268 ed: Editorial Universidad de Córdoba. v.17 fasc.1 p.2878 -2883, 2012.
3. DIANA CAROLINA BARRERA RIVERA, OSCAR ANDRÉS MARTÍNEZ ORTEGA, CARLOS EUGENIO SOLARTE PORTILLA, CAROL YOVANNA ROSERO GALINDO, "Análisis Molecular del Gen de Beta Caseína, Mediante PCR-RFLP y su Relación con las Características Productivas y Rendimiento Quesero en Hembras Holstein del Trópico Alto de Nariño". En: Colombia Revista Colombiana De Ciencias Pecuarias ISSN: 0120-0690 ed: Editorial Universidad De Antioquia v.24 fasc.3 p.436 -436,2011.
4. CARLOS EUGENIO SOLARTE PORTILLA, CAROL YOVANNA ROSERO GALINDO, YOHANA MELISSA ERASO CABRERA, GEMA LUCIA ZAMBRANO BURBANO, DIANA CAROLINA BARRERA RIVERA, OSCAR ANDRÉS MARTÍNEZ ORTEGA, MÓNICA LUCIA GUERRON MELO, FRANCIS PAMELA CHAVES GALEANO, "Polimorfismo de las fracciones caseínicas de la leche en bovinos holstein del Trópico Alto de Nariño". En: Colombia Livestock Research For Rural Development ISSN: 0121-3784 ed: Cipav Centro Para La Investigación En Sistemas Sostenibles De Producción Agropecuaria v.23 fasc.6 p.136 - , 2011.
5. GEMA LUCIA ZAMBRANO BURBANO, YOHANA MELISSA ERASO CABRERA, CARLOS EUGENIO SOLARTE PORTILLA, CAROL YOVANNA ROSERO GALINDO, "Kappa casein genotypes and curd yield in Holstein cows". En: Colombia Revista Colombiana De Ciencias Pecuarias ISSN: 0120-0690 ed: Editorial Universidad de Antioquia v.23 fasc.4 p.423 - 428, .2010.
6. GLORIA JARAMILLO RAMÍREZ, HEIBER CÁRDENAS HENAO, RANULFO GONZÁLEZ OBANDO, CAROL YOVANNA ROSERO GALINDO, "Genetic Variability of Five Periplaneta Americana L. (Dyctioptera: Blattidae) Populations in Southwestern Colombia Using the AFLP Molecular Marker Technique".En: Brasil Neotropical Entomology ISSN: 1519-566X ed: v.39 fasc.3 p.371 - 378, 2010.
7. CARLOS EUGENIO SOLARTE PORTILLA, CAROL YOVANNA ROSERO GALINDO, WILLIAM ORLANDO BURGOS PAZ, GEMA LUCIA ZAMBRANO BURBANO, YOHANA MELISSA ERASO CABRERA, FABIO ESTEBAN

- MEJÍA LÓPEZ, "El Cuy Genético". En: Colombia Livestock Research For Rural Development ISSN: 0121-3784 ed: Cipav Centro Para La Investigación En Sistemas Sostenibles de Producción Agropecuariav.22 fasc.5 p.1 -,2010.
8. CARLOS EUGENIO SOLARTE PORTILLA, CAROL YOVANNA ROSERO GALINDO, HEIBER CÁRDENAS HENAO, WILLIAM ORLANDO BURGOS PAZ, YOHANA MELISSA ERASO CABRERA, GEMA LUCIA ZAMBRANO BURBANO, "Identificación de Polimorfismos del Gen de la Kappa Caseína Bovina: Nariño-Colombia". En: Colombia Revista Lasallista De Investigación ISSN: 1794-4449 ed: Ediciones Universidad De Antioquia v.22 fasc.2 p.39 - 45, 2009.
  9. CARLOS EUGENIO SOLARTE PORTILLA, CAROL YOVANNA ROSERO GALINDO, YOHANA MELISSA ERASO CABRERA, GEMA LUCIA ZAMBRANO BURBANO, HEIBER CÁRDENAS HENAO, WILLIAM ORLANDO BURGOS PAZ, "Frecuencias Alélicas del Gen Kappa Caseína en la Raza Holstein del Trópico Alto de Nariño – Colombia". En: Colombia Livestock Research For Rural development ISSN: 0121-3784 ed: Cipav Centro Para La Investigación En Sistemas Sostenibles de Producción Agropecuariav.20 fasc.1 p.1 – 7,2009.
  10. GEMA LUCIA ZAMBRANO BURBANO, YOHANA MELISSA ERASO CABRERA, CARLOS EUGENIO SOLARTE PORTILLA, CAROL YOVANNA ROSERO GALINDO, "Relación entre los Genotipos de la Kappa Caseína, el Contenido Proteínico Total de la Leche y el Rendimiento en Cuajada de los Bovinos Holstein en el Trópico Alto de Nariño" . En: Colombia. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias ISSN: 0120-0690 ed: Editorial Universidad De Antioquiav.22 fasc.3 p.471 - 472, 2009.
  11. CARLOS EUGENIO SOLARTE PORTILLA, HEIBER CÁRDENAS HENAO, CAROL YOVANNA ROSERO GALINDO, WILLIAM ORLANDO BURGOS PAZ, "Caracterización Molecular de tres Líneas de Cavia porcellus Mediante la Aplicación de AFLP". En: Colombia Revista Colombiana De Ciencias Pecuarias: 0120-0690 ed: Editorial Universidad de Antioquia v.20 fasc.1 p.49 - 58, 2007.
  12. WILLIAM ORLANDO BURGOS PAZ, CAROL YOVANNA ROSERO GALINDO, HEIBER CÁRDENAS HENAO, CARLOS EUGENIO SOLARTE PORTILLA, "Polimorfismos en la Longitud de Fragmentos Amplificados (AFLP`s) a Partir de Muestras de Sangre Almacenadas en Tarjetas FTA para la Especie Cavia porcellus lin. (Rodentia: Caviidae)". En: Colombia v.20 fasc.1 p.67 - 72 ,2007 Revista Colombiana De Ciencias Pecuarias ISSN: 0120-0690 ed: Editorial Universidad de Antioquia.

<b>FORMATO RESUMEN HOJA DE VIDA</b>
<b>(A) IDENTIFICACIÓN DEL INVESTIGADOR PRINCIPAL O CO-INVESTIGADOR:</b> Favor diligenciar datos de identificación (nombre completo y cédula de ciudadanía) según constan en documento de identidad.
<b>Apellidos:</b> Burgos Paz
<b>Nombres:</b> William Orlando
<b>Fecha de Nacimiento:</b> 12 de Noviembre de 1980
<b>Nacionalidad:</b> Colombiana
<b>Documento de Identidad:</b> 13069680
<b>Entidad donde labora:</b> Centre for Research in Agricultural Genomics - CRAG, Barcelona, España <b>Tel/fax:</b> 34 93 563 6600 Ext 3349
<b>Cargo o posición actual:</b> Investigador
<b>(B) TÍTULOS ACADÉMICOS OBTENIDOS</b> (área/disciplina, universidad, año) 1. Doctorado en Producción Animal / Área: Genética Animal, Universidad Autónoma de Barcelona, 2010 –Actual 2. Maestría en Investigación en Ciencia Animal / Área: Genética Animal, Universidad Autónoma de Barcelona 2011. 3. Maestría En Ciencias Animales / Área: Genética y mejoramiento animal. Universidad de Antioquia 2010. 4. Zootecnia, Trabajo de investigación en Genética molecular. Universidad De Nariño 2007.
<b>(C) CAMPOS DE LA CIENCIA Y LA TECNOLOGÍA EN LOS CUALES ES EXPERTO</b> 1. Genética (molecular, poblaciones y cuantitativa) 2. Selección y Mejoramiento de los Animales Domésticos 3. Análisis estadístico y diseño experimental 4. Lenguajes de programación (AWK, Perl, C++) y diseño de herramientas bioinformáticas para el análisis de datos genéticos.
<b>(D) CARGOS DESEMPEÑADOS</b> (tipo de posición, institución, fecha) en los últimos 5 años. 1. Investigador: Centre for Research in Agricultural Genomics – CRAG (consortium CSIC IRTA UAB UB), Barcelona, España. Septiembre de 2010 – actual. 2. Docente: Corporación Universitaria Lasallista, Medellín, Colombia. Octubre 2008 - Noviembre de 2009. 3. Investigador: Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Febrero 2008 - Junio 2010.

4. Técnico - Investigador: Programa de mejoramiento genético - Universidad de Nariño, Pasto, Colombia, Diciembre de 2006, Fecha retiro: Febrero de 2008.

**(E) PUBLICACIONES RECIENTES** (Por lo menos las cinco publicaciones más importantes que hayan hecho en los últimos cinco años, incluyendo el ISBN o ISSN SEGÚN EL CASO):

1. **Burgos-Paz W**, Souza CA, Megens HJ, Ramayo-Caldas Y, Melo M, et al. (2013) Porcine colonization of the Americas: a 60k SNP story. **Heredity** (Edinb). 110(4):321-30. ISSN: 0018-067X.  
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/23250008>
2. **Burgos-Paz W**, Souza CA, Castelló A, Mercadé A, Okumura N, et al. (2013). Worldwide genetic relationships of pigs as inferred from X chromosome SNPs. **Animal Genetics**. 44(2):130-8. ISSN: 1365-2052.  
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22590984>
3. **Burgos-Paz W**, Cerón-Muñoz M, Solarte-Portilla C. (2011) Genetic diversity and population structure of the Guinea pig (*Cavia porcellus*, Rodentia, Caviidae) in Colombia. **Genetics and Molecular Biology**. 34(4):711-8. ISSN 0100-8455.  
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/22215979>.
4. **Burgos-Paz W**, Cerón-Muñoz M, Moreno M. (2010) Comparación de métodos para la extracción de ADN en cuyes (*Cavia porcellus* Rodentia, caviidae). **Livestock Research For Rural Development**. v.22 fasc.4 p.81. ISSN: 0121-3784.  
<http://www.lrrd.org/lrrd22/4/burg22081.htm>
5. **Burgos-Paz W**, Cerón-Muñoz M, Solarte-Portilla C. (2010) Efecto del tamaño de camada y número de parto en el crecimiento de cuyes (*Cavia porcellus* Rodentia: caviidae). **Revista Lasallista Investigación**. vol.7 no.2 p.47-55. ISSN: 1794-4449.  
[http://www.scielo.unal.edu.co/scielo.php?pid=S1794-44492010000200006&script=sci\\_arttext](http://www.scielo.unal.edu.co/scielo.php?pid=S1794-44492010000200006&script=sci_arttext)
6. Solarte-Portilla C, Rosero C, Cardenas H, **Burgos-Paz W**, Eraso J y Zambrano G. (2009) Identificación de polimorfismos del gen de la Kappa Caseína Bovina: Nariño-Colombia. **Revista Lasallista De Investigación**. Vol.6 no.2 p.39 - 45. ISSN: 1794-4449.  
[http://www.scielo.unal.edu.co/scielo.php?pid=S1794-44492009000200006&script=sci\\_arttext](http://www.scielo.unal.edu.co/scielo.php?pid=S1794-44492009000200006&script=sci_arttext)
7. Rosero C, Eraso J, Zambrano G, Cardenas H, **Burgos-Paz W**, Solarte-Portilla C (2009). Frecuencias Alélicas Del Gen Kappa Caseína en la Raza Holstein del Trópico Alto de Nariño – Colombia. **Livestock Research For Rural Development**. v.21 fasc.1 p.1. ISSN: 0121-3784.  
<http://www.lrrd.org/lrrd21/1/sola21003.htm>
8. Calvo S, Martínez E, Tirado J, Corrales J, Montoya A, **Burgos-Paz W**, et al. (2009) Caracterización genética de las razas criollas BON y Romosinuano. **Livestock Research For Rural Development**. v.21 fasc.4 p.54. ISSN:

0121-3784.

<http://www.lrrd.org/lrrd21/4/calv21054.htm>

9. **Burgos-Paz W**, Solarte-Portilla C, Rosero C, Cardenas H. (2007) Polimorfismos en la longitud de fragmentos amplificados (AFLP`s) a partir de muestras de sangre almacenadas en tarjetas FTA para la especie *Cavia Porcellus* lin. (Rodentia: caviidae). **Revista Colombiana De Ciencias Pecuarias**. v.20 fasc.1 p.67 – 72. ISSN: 0120-0690  
[http://www.scielo.unal.edu.co/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0120-06902007000100008&lng=en&nrm=](http://www.scielo.unal.edu.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-06902007000100008&lng=en&nrm=)

### FORMATO RESUMEN HOJA DE VIDA

**(A) IDENTIFICACIÓN DEL INVESTIGADOR PRINCIPAL O CO-INVESTIGADOR:** Favor diligenciar datos de identificación (nombre completo y cédula de ciudadanía) según constan en documento de identidad.

**Apellidos:** Martínez Niño

**Nombres:** Carlos Alberto

**Fecha de Nacimiento:** 13 de enero de 1985

**Nacionalidad:** Colombiana

**Documento de Identidad:** 4192509

**Entidad donde labora:** Animal Breeding and Genetics, Department of Animal Sciences, University of Florida **Tel/fax:** 352-328-1624

**Cargo o posición actual:** Estudiante de doctorado

**(B) TÍTULOS ACADÉMICOS OBTENIDOS** (área/disciplina, universidad, año)

1. Zootecnista (con honores). Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá. 2008.
2. Magister en producción animal, Línea de investigación genética cuantitativa. Universidad Nacional de Colombia sede Bogotá. 2012.
3. Ph.D. Genética cuantitativa. University of Florida. En curso.

**(C) CAMPOS DE LA CIENCIA Y LA TECNOLOGÍA EN LOS CUALES ES EXPERTO**

1. Genética cuantitativa.
2. Mejoramiento genético animal.
3. Biometría.

**(D) CARGOS DESEMPEÑADOS** (tipo de posición, institución, fecha) en los últimos 5 años.

1. Inversiones Char-Caraballo S en CS. Administración de un sistema de

producción de lechería tropical ubicado en Atlántico, Colombia. Junio-Agosto. 2008.

2. Alimentos concentrados del Caribe SA. Unidad de negocio cerdo. Jefe de reproducción y analista de información. Septiembre 2008-Mayo 2009.
3. Federación Nacional de Ganaderos FEDEGAN. Asesoría en el análisis estadístico para la agrupación de productores tipo en algunos TECNIGAN del país. 2010.
4. Profesor de Mejoramiento Animal. Fundación Universitaria San Martín, sede Bogotá. Febrero-Junio de 2010.
5. Profesor de Genética y Mejoramiento Animal. Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales UDCA. Febrero-Junio de 2012.
6. CORPOICA: Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria. Asesoría en el Análisis Estadístico del Proyecto “Desarrollo de Estrategias Integrales de Manejo de Plagas y Enfermedades Asociadas con Alteraciones del Clima en Sistemas de Producción Bovina del Altiplano Cundiboyacense”. 2010-2012.

**(E) PUBLICACIONES RECIENTES** (Por lo menos las cinco publicaciones más importantes que hayan hecho en los últimos cinco años, incluyendo el ISBN o ISNN SEGÚN EL CASO):

1. **Martínez CA**, Elzo MA, Manrique C, Grajales LF, Jiménez A. 2012. Random regression models for estimation of covariance functions, genetic parameters and prediction of breeding values for rib eye area in a Colombian *Bos indicus*-*Bos taurus* multibreed cattle population. *Rev. Col. Estad.* 35(2): 309-330.
2. **Martínez CA**, Elzo MA, Manrique C, Jiménez A. 2012. Genetic parameters and breeding values for live weight using random regression models in a *Bos taurus*-*Bos indicus* multibreed cattle population in Colombia. *Rev. Colomb. Cienc. Pecu.* 25: 548-565.
3. **Martínez CA**, Manrique C, Elzo MA, Jiménez A. 2012. Additive genetic group and heterosis effects on growth traits and corporal composition measurements via ultrasound in crossbred animals in Southern Cesar, Colombia. *Rev. Colomb. Cienc. Pecu.* 25:377-390.
4. Elzo, MA, Lamb GC, Johnson DD, Thomas MG, Misztal I, Rae DO, **Martínez CA**, Wasdin JG, Driver JD. 2011. Genomic-polygenic evaluation of Angus-Brahman multibreed cattle for feed efficiency and postweaning growth using the Illumina3k chip. *J. Anim. Sci.* 90(8): 2488-2497
5. M. A. Elzo, **C. A. Martínez**, G. C. Lamb, D. D. Johnson, M. G. Thomas, I. Misztal, D. O. Rae, J. G. Wasdin, and J. D. Driver. 2013. Genomic-polygenic evaluation for ultrasound and weight traits in Angus-Brahman multibreed cattle with the Illumina3K chip. *Livestock Science.* 153: 39-49