

**IV JORNADA DE DIVULGACIÓN CIENTÍFICA DEL
INSTITUTO DE GENÉTICA VETERINARIA**

“Ing. Fernando Noel Dulout”



**IGEVET-CONICET CCT La Plata
Facultad de Ciencias Veterinarias**



Universidad Nacional de La Plata



Auditorio de la Sede del Centro Científico Tecnológico La Plata

Calle 8 N° 1467, B1904CMC La Plata, Buenos Aires

Argentina

La Plata, 29 de noviembre de 2018

Autoridades

Director

Dr. Guillermo Giovambattista

Vicedirectora

Dra. Cecilia Furnus

Comisión Organizadora

Dra. Alba Guerci

Dra. Noelia Nikoloff

Dra. Eliana Ocolotobiche

Dra. Silvina Díaz

Programa de actividades

9:00 ***Bienvenida a la Jornada y Memoria Institucional 2018***

Director del IGEVET *Dr. Guillermo Giovambattista*

Presentaciones de Tesis Doctorales Avanzadas

9:40 Tesista: Lic. Falomir Lockhart AH; Director: Dr. Giovambattista G; Codirector: Dr. Rogberg Muñoz
“PREDICCIÓN COMPUTACIONAL DEL EFECTO DE NSSNPS SOBRE LA ESTRUCTURA Y FUNCIÓN DE LAS PROTEÍNAS, UN ENFOQUE DE PRIORIZACIÓN PARA ESTUDIOS *IN VITRO* ADICIONALES APLICADO A LA ENZIMA GSTP1 BOVINA”

10:00 Tesista: Lic. Corbi Botto CM; Directora: Dra. Díaz S; Codirectora: Dra. Peral García P.
“DIVERSIDAD GENÓMICA ESTRUCTURAL EN CABALLOS CRIOLLO ARGENTINO: ANÁLISIS DE VARIACIONES DEL NÚMERO DE COPIAS”

10:20 Tesista: Dr. Pellegrino FJ; Directora: Dra. Seoane AI; Codirectora: Corrada Yanina.
“SUPLEMENTACIÓN DE LA DIETA CON ACEITE DE PESCADO COMO FUENTE DE ÁCIDOS GRASOS OMEGA 3 EN CANINOS. EFECTO SOBRE PARÁMETROS NUTRICIONALES Y GENÉTICOS”

10:40 Tesista: M.V. Arizmendi A; Director: Dr. Giovambattista G; Codirector: Dr. Batista PR; Asesor Científico: Dr. Arias DO. **“VALIDACIÓN DE LA ASOCIACIÓN DEL GEN PDK4 AL DESARROLLO DE LA CARDIOPATÍA DILATADA EN UNA POBLACIÓN DE DOBERMAN PINSCHERS DE ARGENTINA”**

11:00 *Coffee Break*

11:30 Invitado: Dr. Gonzalo Márquez. Prosecretario de Vinculación Tecnológica de Universidad Nacional de La Plata. **“LA VINCULACIÓN TECNOLÓGICA EN LA UNLP: HACIA UN NUEVO PARADIGMA”**

Presentaciones de Planes de Tesis Doctorales en etapas iniciales

12:00 Tesista: M.V. Azcona F; Director: Dr. Demyda Peyrás S; Codirectora: Dra. Peral-García P.
“CARACTERIZACIÓN GENÉTICA Y ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD EXISTENTE EN EL CABALLO POLO ARGENTINO MEDIANTE POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIDO SIMPLE”

12:10 Tesista: M.V. Balbi M; Director: Dr. Giovambattista G; Codirector: Dr. Prando A.
“CARACTERIZACIÓN DE VARIABLES FENOTÍPICAS ASOCIADAS A LA ADAPTACIÓN A AMBIENTES SUBTROPICALES EN TOROS BRANGUS Y SU IMPACTO EN LA CALIDAD SEMINAL”

12:20 Tesista: Álvarez P. Directora: Dra. Fernández; ME; Codirector: Dr. Rogberg Muñoz A. **“ESTUDIO GENÓMICO DEL EFECTO DEL ESTRÉS TÉRMICO EN TOROS BRANGUS MEDIANTE ANÁLISIS DE LA EXPRESIÓN GÉNICA, LAS HUELLAS DE SELECCIÓN Y LA HETEROSIS”**

12:30 Tesista: Lic. Ziegler, Tatiana Elisa; Director: Dr. Demyda Peyrás, Sebastián; Codirectora: Dra. Fernández, María Elena. **“ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA EN LA ESPECIE CAPRINA, ANÁLISIS DE BLOQUES DE HOMOCIGOSIDAD Y VARIACIÓN EN EL NÚMERO DE COPIAS”**

- 12:40** Tesista: Lic. Pirosanto Yamila; Director: Dr. Demyda Peyrás, Sebastián. **DETERMINACIÓN DE FACTORES GENÉTICOS ASOCIADOS A LA INFERTILIDAD EN LA ESPECIE EQUINA.**
- 12:50** Tesista: Lic. Ester Mercedes Terán; Director: Dr. Demyda Peyrás, Sebastián; Codirector: Dr. Goszczyński Daniel. **EVALUACIÓN DE LOS EFECTOS FENOTÍPICOS Y MOLECULARES DE LA ENDOGAMIA EN EL GANADO VACUNO MEDIANTE ESTUDIOS DE ASOCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO Y BLOQUES DE HOMOCIGOSIDAD**
- 13:00** Cierre de las Jornadas. Vice-Directora: Dra. Cecilia Furnus

Presentaciones de Tesis Avanzadas

PREDICCIÓN COMPUTACIONAL DEL EFECTO DE NSSNPS SOBRE LA ESTRUCTURA Y FUNCIÓN DE LAS PROTEÍNAS, UN ENFOQUE DE PRIORIZACIÓN PARA ESTUDIOS *IN VITRO* ADICIONALES APLICADO A LA ENZIMA GSTP1 BOVINA

Tesista: Lic. Falomir Lockhart, Agustín Horacio¹

Director: Dr. Giovambattista, Guillermo¹

Codirector: Dr. Rogberg Muñoz, Andrés^{1,2}

¹IGEVET- CCT La Plata- CONICET- FCV- UNLP.

²Departamento de Producción Animal, Facultad de Agronomía, UBA

E-mail: ahfalomir@igevet.gob.ar

El desarrollo de tecnologías de alta performance durante la última década, produjo un incremento exponencial en la cantidad de información disponible sobre los sistemas biológicos. De esta manera, hoy día nos encontramos con la necesidad de integrar la información proveniente de distintas “ómicas”. En consecuencia, se ha vuelto esencial la validación de los descubrimientos propuestos. Sin embargo, el estudio en sistemas biológicos del efecto de la gran cantidad de variantes de secuencia obtenidas de las tecnologías de secuenciación de nueva generación puede resultar ser muy complicado y costoso. Por lo tanto, se presenta una metodología computacional para el análisis sistemático de variantes para determinar su efecto sobre la estructura y función de las proteínas, tendiente a la priorización para futuros estudios. Este enfoque destaca por su fácil implementación, bajos costos y el poco tiempo que requiere para su desarrollo. En una primera instancia se evaluó el posible impacto de las mutaciones utilizando una combinación de herramientas basadas en información evolutiva y estructural de las proteínas. Luego se realizó el modelado por homología de las proteínas mutantes para

predecir y comparar la conformación tridimensional de estructuras no resueltas de secuencias aminoacídicas obtenidas por re-secuenciación. El análisis aplicado a la enzima GSTP1 bovina permitió determinar que algunas de las sustituciones aminoacídicas encontradas podrían generar cambios importantes en la estructura y función de la proteína. Además, el análisis de haplotipos destacó tres variantes estructurales para estudiar en futuros ensayos *in vitro* o *in vivo*.

DIVERSIDAD GENÓMICA ESTRUCTURAL EN CABALLOS CRIOLLO ARGENTINO: ANÁLISIS DE VARIACIONES DEL NÚMERO DE COPIAS

Tesista: Lic. Corbi Botto, Claudia

Directora: Dra. Díaz, Silvina

Codirectora: Dra. Peral García, Pilar

IGEVET- CCT La Plata- CONICET- FCV- UNLP.

E-mail: cmcorbi@igevet.gob.ar

Las variaciones en el número de copias (CNV del inglés *Copy Number Variation*) están ampliamente distribuidas en el genoma humano, animal y vegetal, junto con los polimorfismos de nucleótido simple (SNP, Single Nucleotide Polymorphism), desempeñan un papel clave en la diversidad genética. En este estudio, se realizó la detección genómica de CNVs a partir de los datos de 24 caballos Criollo Argentino genotipados con el arreglo de mediana densidad *GGP Equine70k* de *Illumina*. En total se detectaron 165 CNVs que cumplían con los criterios de control de calidad, los cuales fueron posteriormente agrupados en 87 regiones de CNVs (CNVRs) que representaron una cobertura genómica de aproximadamente 13,69 Mb. El análisis funcional de estas regiones permitió identificar 337 genes implicados en un amplio rango de funciones biológicas tales como actividad de transducción de señales (receptores olfativos), receptores y unión de ligando. Además, el análisis de enriquecimiento de clases proteicas mostró que la subfamilia de receptores de inmunoglobulinas, las inmunoglobulinas y los antígenos del complejo mayor de histocompatibilidad (*beta-2-microglobulina*) fueron los tipos proteicos en mayor proporción representando más del 25% del total. Esta predominancia podría reflejar la plasticidad del caballo Criollo Argentino para la adaptación a condiciones ambientales y sanitarias adversas.

SUPLEMENTACIÓN DE LA DIETA CON ACEITE DE PESCADO COMO FUENTE DE ÁCIDOS GRASOS OMEGA 3 EN CANINOS. EFECTO SOBRE PARÁMETROS NUTRICIONALES Y GENÉTICOS.

Tesista: Dr. Pellegrino, Francisco Javier¹²³

Directora: Dra. Seoane, Analía Isabel¹³

Codirectora: Corrada, Yanina¹².

¹Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

²Laboratorio de Fisioterapia Veterinaria (LAFIVET), FCV, UNLP.

²IGEVET- CCT La Plata- CONICET- FCV- UNLP.

E-mail: fran.pellegrino@hotmail.com

El aceite de pescado (AP) es rico en ácidos grasos poliinsaturados omega 3 (PUFA n-3) siendo la principal fuente de los ácidos eicosapentaenoico (EPA) y docosahexaenoico (DHA). Entre los PUFA n-3, EPA y DHA son considerados los que presentan efectos más beneficiosos. Sin embargo, dado que la presencia de dobles enlaces en su molécula aumenta el riesgo de oxidación, es importante evaluar si la suplementación de AP genera estrés oxidativo para evitar la posible producción de daño en estructuras biológicas como lípidos y ADN. El objetivo de este trabajo fue estimar si la suplementación de la dieta canina con AP induce estrés oxidativo y daño en el ADN en sangre periférica. Ocho perros machos sanos (4-9 años, 25-35 kg, condición corporal 3/5) fueron aleatoriamente asignados a dos grupos durante 90 días: grupo control (CG, n=4), recibió diariamente una dieta control (alimento comercial premium); grupo AP (APG, n=4), recibió diariamente la misma dieta más una cápsula conteniendo 1000 mg de AP (EPA, 232,4 mg; DHA, 136,3 mg). Se recolectaron muestras de sangre los días 1, 30, 60 y 90. Se determinó la concentración de malondialdehído (MDA) mediante T-bars y % de índice de daño (ID) en ADN por ensayo cometa. Los datos se analizaron con SAS. El APG tuvo menor concentración de MDA al día 60 y menor % de ID al día 30, 60 y 90 que el CG ($P \leq 0,05$). La suplementación con AP no afectó la oxidación lipídica y el daño en ADN en sangre periférica de caninos.

VALIDACIÓN DE LA ASOCIACIÓN DEL GEN PDK4 AL DESARROLLO DE LA CARDIOPATÍA DILATADA EN UNA POBLACIÓN DE DOBERMAN PINSCHERS DE ARGENTINA.

Tesista: M.V. Arizmendi, Analía^{1,2}

Director: Dr. Giovambattista, Guillermo^{1,2}

Codirector: Dr. Batista, Pablo Rodrigo^{2,3}

Asesor Científico: Dr. Arias, Daniel Osvaldo²

¹Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET) "Ing. Fernando Noel Dulout", - CONICET.

²Servicio de Cardiología, Facultad de Ciencias Veterinarias - UNLP.

³Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET).

E-mail: analiaarizmendi.mv@gmail.com

La Cardiomiopatía Dilatada (CMD) es una enfermedad poligénica de transmisión autosómica dominante con baja penetrancia, de alta incidencia en el Doberman Pinscher (DP). Según estudios previos, se ha detectado una delección de 16 pb del sitio de empalme en el gen PDK4 (isoenzima 4 de la piruvato deshidrogenasa quinasa) (PDK4/DCM1) ubicado en el cromosoma 14, asociado al desarrollo de CMD en una población de DP de Estados Unidos. Sin embargo, esta mutación no evidencia asociación estadística con la presentación de CMD en poblaciones europeas de DP. El objetivo de este trabajo fue validar la asociación entre la mutación PDK4/DCM1 y CMD en una población de DP de Argentina. Se evaluaron cardiológicamente 46 DP mayores a 4 años, dividiéndolos retrospectivamente en Grupo Caso (CMD, N=9) y Grupo Control (sanos, N=37) según reportes previos. Se realizó la extracción de ADN mediante un kit comercial (Wizard) y/o extracción orgánica. Las muestras de ADN se genotiparon mediante el kit AgriSeq™ Targeted GBS basado en target NGS en el laboratorio de desarrollo de Thermo Fisher Scientific (Texas, USA). Los resultados se analizaron estadísticamente con el test de Chi cuadrado. De las 46 muestras remitidas se genotificaron 28 animales para la mutación PDK4/DCM1, obteniendo 11 homocigotas sin la delección y 17 heterocigotas. De los 11 homocigotas 4 DP presentaban CMD, y de los 17 heterocigotas 4 DP presentaban CMD ($P > 0,1$). No se evidenció una asociación estadísticamente significativa entre la mutación PDK4/DCM1 del cromosoma 14 y el desarrollo de CMD en la población de DP de Argentina según los resultados del GBS.

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA Y ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD EXISTENTE EN EL CABALLO POLO ARGENTINO MEDIANTE POLIMORFISMOS DE NUCLEÓTIDO SIMPLE

Tesista: M.V. Azcona, Florencia

Director: Dr. Demyda Peyrás, Sebastián

Codirectora: Dra. Peral-García, Pilar

IGEVET- CCT La Plata- CONICET- FCV- UNLP.

E-mail: fazcona@igevet.gob.ar

El caballo Polo Argentino es considerado un animal de excelencia a nivel mundial para la práctica del Polo. Es una de las principales razas equinas criadas en nuestro país, destacándose por la implementación de biotecnologías reproductivas, como la transferencia embrionaria y la clonación de individuos, a escala comercial. El estudio de su diversidad genética permitiría describir y monitorear el estado y la evolución de su pool genético, con el objetivo de evitar la pérdida de variabilidad que pueda impactar negativamente en los individuos. El objetivo de este proyecto es determinar la variabilidad y estructuración genética de la raza Polo Argentino, por medio de la aplicación de técnicas de genotipado masivo mediante microarrays de SNPs. Inicialmente, se analizarán los datos genealógicos de la raza para seleccionar animales candidatos para el genotipado que representen fielmente la variabilidad existente en la población. Posteriormente, se coleccionará ADN genómico, a partir de muestras de pelo y/o sangre de los animales seleccionados para su genotipado. Con los datos obtenidos se calcularán diferentes indicadores de variabilidad genética (frecuencias génicas y genotípicas, heterocigosis, consanguinidad, proporción de loci polimórficos), determinación de componentes principales, haplotipos, así como la detección de bloques de homocigosidad (ROH). Finalmente, se espera poder determinar las características genómicas que controlan los rasgos fenotípicos que hacen del caballo de polo el animal ideal para la práctica del deporte.

CARACTERIZACIÓN DE VARIABLES FENOTÍPICAS ASOCIADAS A LA ADAPTACIÓN A AMBIENTES SUBTROPICALES EN TOROS BRANGUS Y SU IMPACTO EN LA CALIDAD SEMINAL

Tesista: M.V. Balbi, Marianela¹

Director: Dr. Giovambattista, Guillermo ²

Codirector: Dr. Prando, Alberto J ¹

¹Departamento de producción animal- FCV- UNLP- Área Producción de Bovinos.

²IGEVET- CCT La Plata- CONICET- FCV- UNLP.

E-mail: mbalbi@fcv.unlp.edu.ar

El aumento de la temperatura global y el desplazamiento de la frontera ganadera hacia el norte de nuestro país hacen que la adaptación a temperaturas extremas en bovinos aumente su relevancia debido a las pérdidas productivas y reproductivas relacionadas al estrés térmico. El objetivo de este trabajo es estudiar las condiciones medioambientales subtropicales y su efecto sobre la calidad seminal en toros Brangus. Asimismo se estudiarán las características morfológicas de la piel que puedan estar relacionadas a una mejor termorregulación, asociándose con la composición racial. Para esto se evaluarán los siguientes parámetros: temperatura rectal, espesor de grasa de cadera, circunferencia escrotal, volumen testicular, calidad seminal, largo y tipo de pelo y morfología de la piel en 100 toros Brangus en la provincia de Chaco en verano, otoño e invierno. Cada muestreo se acompañará de la medición del índice de temperatura-humedad, peso, altura, perímetro torácico, estado corporal y termografía escrotal y ocular. Se tomarán muestras de sangre y pelo para determinar la composición racial de los toros mediante la genotificación con microarrays de mediana densidad de SNPs. En el análisis estadístico se utilizarán modelos mixtos para analizar el efecto del ambiente, composición racial y características de la piel sobre los parámetros fisiológicos y la calidad seminal. Por último, se evaluará la correlación existente entre la emisión infrarroja y la temperatura rectal.

ESTUDIO GENÓMICO DEL EFECTO DEL ESTRÉS TÉRMICO EN TOROS BRANGUS MEDIANTE ANÁLISIS DE LA EXPRESIÓN GÉNICA, LAS HUELLAS DE SELECCIÓN Y LA HETEROSIS

Tesista: Álvarez, Paulo
Directora: Dra. Fernández, María Elena
Codirector: Dr. Rogberg Muñoz, Andrés
IGEVET – CCT La Plata CONICET-FCV, UNLP
E-mail: pecunarg@gmail.com

La piel es el órgano termorregulador principal por el cual los bovinos logran mantener su temperatura interna constante. Cuando el animal pierde su capacidad de termorregulación, se producen cambios fisiológicos y comportamentales, conocidos como estrés térmico. Esto perjudica a los sistemas de producción, particularmente en las regiones húmedas y calurosas. Diversos factores, entre ellos la composición racial, influyen en el grado de afección por este fenómeno, estando las razas cebuinas más adaptadas a estos ambientes que las taurinas. A fin de obtener mejores rendimientos en zonas subtropicales han sido desarrolladas diferentes razas compuestas por fracciones cebuinas y taurinas, como la raza Brangus. A pesar de su impacto negativo en la ganadería, poco se conoce sobre la asociación entre el estrés térmico en bovinos y los caracteres reproductivos y tampoco acerca de la expresión génica en piel en relación con el mismo. El objetivo del presente plan consiste en estudiar la capacidad de adaptación al estrés térmico en toros de raza Brangus a partir de mediciones de parámetros productivos, reproductivos y morfológicos. Se realizarán dos muestreos estacionales en una población de 100 animales y en base a diferentes parámetros se determinará el grado de afección por estrés térmico de los animales. Además, se genotipificará a la población mediante microarrays de mediana densidad a fin de evaluar la composición racial, estimar los efectos de la heterosis en los caracteres de fertilidad y detectar las zonas bajo selección potencialmente involucradas en la termorregulación. Por otra parte, a partir de biopsias de piel, se analizarán los perfiles de expresión génica en individuos en condiciones normales y bajo estrés térmico, y los resultados serán asociados a la composición racial de los individuos y a la histología de la piel.

ESTUDIO DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA EN LA ESPECIE CAPRINA, ANÁLISIS DE BLOQUES DE HOMOCIGOSIDAD Y VARIACIÓN EN EL NÚMERO DE COPIAS.

Tesista: Lic. Ziegler, Tatiana Elisa

Director: Dr. Demyda Peyrás, Sebastián
Codirectora: Dra. Fernández, María Elena
IGEVET- CCT La Plata- CONICET- FCV- UNLP.
E-mail: tziegler@igevet.gob.ar

La especie caprina es importante en la producción animal dada su rusticidad, productividad y adaptación a sistemas de producción extensivos y semi áridos. Es por ello que la caracterización de la variabilidad genética en sus poblaciones permitiría contribuir al desarrollo de programas de mejora, así como también al conocimiento de los niveles de endogamia y sus efectos sobre los caracteres productivos. Tal es el caso de las cabras españolas, las cuales no se han estudiado genéticamente tan en profundidad como sí ocurre en otros animales de producción. El objetivo de este Plan de Tesis consiste en realizar la caracterización de la variabilidad genética en diversas razas caprinas y analizar los niveles de endogamia y sus efectos, utilizando técnicas de genotipado masivo y análisis bioinformáticos mediante diferentes enfoques. Para esto, se extraerá ADN de muestras pertenecientes a una población de cabras de raza Florida, Malagueña y Murciano-Granadina, las cuales serán genotipadas mediante un microarray de mediana densidad (*Illumina® 50K Goat Bead Chip*). La caracterización genética de estas poblaciones caprinas se realizará utilizando estimadores tradicionales y metodologías alternativas como la búsqueda de bloques de homocigosidad (ROH) y variaciones en el número de copias (CNV). En base a los resultados, se analizarán las rutas metabólicas afectadas por los ROH o CNV detectados mediante análisis de ontologías génicas, los cuales serán asociadas a datos fenotípicos relacionados a caracteres productivos y a la resistencia de los individuos al estrés térmico mediante estudios de asociación de genoma completo.

DETERMINACIÓN DE FACTORES GENÉTICOS ASOCIADOS A LA INFERTILIDAD EN LA ESPECIE EQUINA

Tesista: Lic Pirosanto Yamila

Director: Dr. Demyda Peyrás, Sebastián

IGEVET- CCT La Plata- CONICET- FCV- UNLP.

E-mail: yamypiro@gmail.com

La crianza de caballo de élite está basada, en muchas ocasiones, en el uso intensivo de la inseminación artificial que permite la difusión de distintas líneas genéticas existentes entre los criadores. Es por ello que la calidad seminal es uno de los factores clave en el éxito productivo y económico de las explotaciones dedicadas a la cría de caballos. También se ha demostrado que el control de la fertilidad del macho equino tiene una componente genética importante. Sin embargo, los estudios sobre las causas que afectan el rendimiento reproductivo son limitados, y están centrados en el efecto sobre la misma de la actividad deportiva o manejo reproductivo, entre otros. Es por ello que el presente proyecto tiene como objetivo general el estudio de la base genética que modula la aparición de fallas en la calidad espermática, mediante el uso metodologías de asociación genómica basadas en marcadores SNP, y análisis bioinformáticos para la detección de CNV (copy number variation) y ROH (runs of homocigosity). Adicionalmente se pretende determinar la magnitud y mecanismos mediante los cuales la endogamia afecta dichos caracteres reproductivos mediante estudios de ontología génica in sílico, utilizándose caballos españoles y de polo argentino como modelo experimental. Se extraerán muestras de sangre y pelo para obtener ADN de los individuos y de semen para determinar sus parámetros de calidad mediante técnicas asistidas por computadora (movimiento y morfología). Finalmente se realizarán estudios de asociación de genoma completo tratando de vincular la genómica con el fenotipo para la detección de genes candidatos responsables de las variaciones observadas.

EVALUACIÓN DE LOS EFECTOS FENOTÍPICOS Y MOLECULARES DE LA ENDOGAMIA EN EL GANADO VACUNO MEDIANTE ESTUDIOS DE ASOCIACIÓN DE GENOMA COMPLETO Y BLOQUES DE HOMOCIGOSIDAD

Tesista: Lic. Terán Ester Mercedes

Director: Dr. Demyda Peyrás Sebastián

Codirector: Goszczynski Daniel

IGEVET Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP-CONICET.

E-mail: esterteran24@gmail.com

El uso intensivo de prácticas de selección animal artificial conduce a la obtención de individuos más homogéneos fenotípicamente. Pero a la vez, suele asociarse a un incremento en el nivel de homocigosis en otros caracteres, principalmente relacionados con la fertilidad. Existen varios mecanismos tradicionales para cuantificar la endogamia, basados en el pedigrí. Sin embargo, en la actualidad se cuenta con herramientas moleculares que son más exactas e informativas. Una de ellas es la utilización de bloques de homocigidad, definidos como segmentos continuos del genoma que se encuentran en homocigosis. En este trabajo se propone determinar la base genética que explica la acción de la endogamia como causa de la aparición de fallas reproductivas de origen espermático en el bovino mediante el análisis de 225 animales de razas británicas (Angus), continentales (Retinta) y lecheras (Holstein). Se extraerá ADN a partir de muestras de semen y se genotipificará utilizando microarrays de mediana y alta densidad. El análisis bioinformático incluirá la detección de bloques de homocigidad y un análisis de ontología génica en posiciones genómicas altamente homocigotas en la población. Luego se realizará una caracterización fenotípica de la calidad espermática de los animales, utilizando métodos computarizados. Finalmente se realizará un estudio de asociación de genoma completo intentando dilucidar las bases genéticas del efecto de la endogamia en la calidad seminal.