

Vol 3 No 2 de 2019 de Revista Ecuatoriana de Ciencia Animal, ISSN 2602-8220

**Características génicas de las poblaciones de bovinos criollos americanos en base a microsatélites.**

**Guillermo E. Guevara Viera<sup>1D</sup>; Antonio J. Vallecillo Maza; María Silvana Méndez Álvarez; Manuel E. Soria Parra; Teófilo E. Palacios Ordoñez; Omar S. Andrade Guzmán, Jorge G. Bustamante Ordoñez; José L. Pesantez Pacheco; Juan M. Vázquez Mosquera.**

**Escuela de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad de Cuenca. Av. 12 de Octubre y Diego de Tapia, Cuenca, Ecuador. C.P. 010220.**

**Correo electrónico del autor para correspondencia:** antonio.vallecillo@ucuenca.edu.ec

**<sup>1D</sup>ORCID del 1er Autor:** [orcid.org/0000-0003-3832-9090](https://orcid.org/0000-0003-3832-9090)

## **Resumen**

El objetivo de este trabajo es analizar los principales parámetros génicos encontrados en diferentes genotipos de bovinos de origen ibérico en el continente americano. El trabajo se basó en la revisión de diferentes resultados de los marcadores genéticos analizados en sangre de bovinos criollos de países de América del Norte hasta bovinos existentes en la Patagonia en la parte más meridional de América del Sur. Se presentan resultados de los marcadores más utilizados y recomendados para bovinos. Los parámetros génicos poblacionales analizados fueron: número total de alelos (**Na**), frecuencias alélicas por marcador microsatélite), la heterocigosis observada (**Ho**) y esperada (**He**), los coeficientes de endogamia (**Fis**), el contenido de información polimórfico (**CIP**) y el cumplimiento del supuesto de equilibrio Hardy-Weinberg. También se informa sobre el porcentaje de varianza entre poblaciones y el (**Fst**). Se analizaron 20 trabajos sobre microsatélites en bovinos, 19 de ellos con información de criollos de toda América. Se destaca un número de alelos superior en locus de 4 a 13, por heterocigosis mayor de 0,6, y contenido de información polimórfica alto. Los bovinos criollos presentan muy poca variación entre sus poblaciones, la distancia que las separa no es muy marcada, pero disponen de un genofondo con numerosos alelos en los locus analizados y su heterocigosis y polimorfismo es alta.

**Palabras claves:** marcadores genéticos, *Bos taurus*, parámetros genéticos.

## **Abstract**

The objective of this study is to analyze the major gene parameters found in different genotypes of cattle of Iberian origin in the Americas. The work was based on the review of different results of the genetic markers analyzed in blood of Creole cattle in countries of North America until cattle in Patagonia in the southern part of South America. Presents results of the markers most used and recommended for cattle. Population genetic parameters analyzed were: total number of alleles (Na), by microsatellite marker allele

frequencies), the factors observed ( $H_o$ ) and expected ( $H_e$ ), the coefficients of inbreeding ( $F_{is}$ ), polymorphic information content) CIP) and compliance with the assumption of Hardy-Weinberg equilibrium. The percentage of variance between populations and the ( $F_{st}$ ) is also reported. 20 papers on microsatellites in cattle, analysed 19 of them with information from Creoles of America. Highlights a number of alleles locus of 4 to 13, higher by more than 0.6 heterozygosity and polymorphic information content high. Creole cattle have very little variation among their populations, the distance that separates them is not very marked, but they have a Kingdom with many alleles at the loci analyzed and their heterozygosity and polymorphism is high. of them with information

**Keywords:** STRs, Creoles, *Bos taurus*, genetics parameters.

## Introducción

La existencia actual de bovinos introducidos durante la colonización de españoles y portugueses en el continente americano y que ha evolucionado durante aproximadamente 5 siglos se encuentra en riesgo desde hace años, y por tanto se ha motivado el interés de conservar ese genofondo de altísimo valor y de estudiarlo por diferentes grupos de investigadores que aprovechar las herramientas proporcionadas por la Genética Molecular. (Bedoya 2001; Delgado et al. 2012; Martínez et al. 2015; Egito et a. 2015; Pereira 2017).

Los estudios anteriores han continuado en el presente pues se trata de más de 26 genotipos criollos dispersos por todo el continente (Delgado et al. 2015), estos y otros estudios comparten en general muchos de los marcadores genéticos recomendados por la FAO y reportan los principales parámetros génicos que caracterizan las poblaciones y genotipos de criollos, sus niveles heterocigosidad, polimorfismo, endogamia y diversidad. (Ortega et al. 2010; Mejías et al. 2015; Martínez et al. 2015; Cevallos et al. 2017). El objetivo de este trabajo fue analizar los principales parámetros génicos encontrados en diferentes genotipos de bovinos de origen ibérico en el continente americano.

## Materiales y métodos

El trabajo se basó en la revisión de diferentes resultados de los marcadores genéticos analizados en sangre de bovinos criollos de países de América del Norte hasta bovinos existentes en la Patagonia en la parte más meridional de América del Sur. Se presentan resultados de los marcadores más utilizados y recomendados para bovinos como: BM1818, BM1824, BM2113, CSRM60, CSSM66, ETH3, ETH10, ETH185, ETH225, HAUT27, HEL9, ILSTS006, INRA032, INRA063, MM12, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA227 y otros.

Los parámetros génicos poblacionales fueron: número total de alelos (***Na***), frecuencias alélicas por marcador microsatélite), la heterocigosis observada (***Ho***) y esperada (***He***), los coeficientes de endogamia (***Fis***), el contenido de información polimórfico (***CIP***) y el cumplimiento del supuesto de equilibrio Hardy-Weinberg. También se informa sobre el porcentaje de varianza entre poblaciones y el (***Fst***).

## Resultados y discusión

Como se puede apreciar en la Tabla 1., el número de alelos (***Na***) se estableció entre 5 y 13, lo que nos indica que hay una alta variabilidad, los criollos de Uruguay, de Bolivia y de la Patagonia (**Martínez** 2005; Vega et al. 2013; Pereira et al. 2017) son los de menor número, debido posiblemente a un mayor aislamiento. Los criollos de Costa Rica tienen mayor número de alelos, aunque han sido diferenciados según el propósito de crianza. (Martínez et al. 2015). La cantidad de alelos efectivos (***Ne***) es generalmente inferior a los observados, pero no es un parámetro que se calcule en todos los trabajos.

La heterocigosidad observada en muchas de las poblaciones de criollos es superior a 0,7, lo cual es alta, pero en algunas poblaciones colombianas es media o baja, hubiera sido interesante conocer el nivel de endogamia de dichas poblaciones reportadas por Ortega et al. 2010, pero este no fue informado. Solamente los criollos de Cuba, Nariño en Colombia y los del valle de Bolivia tuvieron una ligera superioridad en la heterocigosidad esperada respecto a la observada, en la mayoría de los casos siempre la esperado fue superior a la observada, aunque la diferencia fue muy pequeña. Se comprueba que hay alta heterocigosidad en estas poblaciones. El contenido de información polimórfica, no ha sido calculado en muchos de los trabajos y se esperaría un alto valor, como reportan Martínez et al. (2015) en los criollos de Costa Rica que superan el nivel de 0,7 y hasta los patagónicos con menor número de alelos calcularon un valor superior a 0,55.

Los coeficientes de endogamia ***Fis*** como se observa son bajos, aunque debieran esperarse coeficientes más altos, la experiencia y el conocimiento de los criadores ha permitido durante décadas evitar una endogamia más alta. Las poblaciones presentan en la mayoría de los loci EHW, aunque Cevallos et al. (2017) encontraron un porcentaje bajo en criollos ecuatorianos de la provincia de Loja y en la mayoría de los loci no hubo definición.

Tabla 1. Se informa sobre el número total ( $N_a$ ) y efectivo ( $N_e$ ) de alelos, heterocigosis observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ), contenido de información polimórfica ( $CIP$ ), coeficiente de endogamia ( $F_{is}$ ) y el porcentaje de marcadores en equilibrio Hardy-Weinberg para cada uno de los subgrupos raciales.

Raza	País	$N_a$	$N_e$	$H_o$	$H_e$	$CIP$	$F_{is}$	Porcentaje marcadores sig. EHW	Autores
Criolla									
Came	Costa Rica	11	5,40	0,76	0,80	0,78	0,04	100,04	Martínez et al. 2015
Doble propósito	Costa Rica	13	5,63	0,79	0,81	0,79	0,02	100,0	Martínez et al. 2015
Leche	Costa Rica	9	5,04	0,78	0,78	0,76	0,00	100,0	Martínez et al. 2015
Cubano	Cuba	7,6	4,6	0,79	0,76		-0,04		Acosta et al. 2013
Nariño	Colombia	8		0,78	0,75		-0,01	91,0	Mejías et al. 2015
Romosinuano	Colombia	7,3			0,77				Ortega y 2010
Blanco Orejinegro	Colombia			0,24	0,52				Ortega y 2010 Ortega Ortega

Casanareño	Colombi a	<b>4</b>	<b>0,5</b>	<b>0,66</b>					Ortega y 2010	Ortega
San Martinero	Colombi a		<b>0,35</b>	<b>0,74</b>					Ortega y 2010	OrtegaOrtega
Costeño con cuernos	Colombi a			<b>0,84</b>					Ortega y 2010	Ortega
Caracú	Brasil	<b>7,8</b>	<b>0,68</b>	<b>0,71</b>	<b>0,05</b>	86,4			Egito et al. 2007	
Lageano	Brasil	<b>9,1</b>	<b>0,71</b>	<b>0,76</b>	<b>0,07</b>	86,4			Egito et al. 2007	
Curraleiro	Brasil	<b>8,8</b>	<b>0,67</b>	<b>0,79</b>	<b>0,09</b>	87,3			Egito et al. 2007	
Mocho	Brasil	<b>8,8</b>	<b>0,74</b>	<b>0,78</b>	<b>0,04</b>				Egito et al. 2007	
						95,51				
Pantaneiro	Brasil	<b>9,0</b>	<b>0,72</b>	<b>0,78</b>	<b>0,08</b>	81,8			Egito et al. 2007	
Peruana	Perú		<b>0,70</b>		<b>0,68</b>				Aquino et al. 2008	
Uruguayo	Uruguay	<b>4,3</b>	<b>0,58</b>	<b>0,62</b>	<b>0,59</b>	<b>0,04</b>			Armstrong et al. 2007	
Patagónico	Argentin a	<b>4,9</b>	<b>0,60</b>	<b>0,62</b>	<b>0,60</b>	<b>0,01</b>			Martínez 2008	
Los Valles	Bolivia	<b>5,2</b>	<b>0,70</b>	<b>0,66</b>		<b>0,49</b>			Pereira et al. 2017	
Limonero	Venezuel a	<b>8,1</b>	<b>0,60</b>	<b>0,69</b>	<b>0,65</b>	<b>0,12</b>			Villasmil et al. 2008	
Lojano	Ecuador	<b>8,1</b>	<b>0,68</b>	<b>0,7</b>	<b>0,70</b>	<b>0,09</b>	64,3		Aguirre et al. 2014	
Manabita	Ecuador	<b>8,2</b>	<b>4,5</b>	<b>0,73</b>	<b>0,76</b>	<b>0,72</b>	<b>0,05</b>	17,8,	Cevallos et al. 2017	

En la Tabla 2., se presentan los porcentajes de varianza entre poblaciones de solo dos grupos de poblaciones. En ambas el porcentaje es muy bajo, en la primera se analizan los criollos de Nariño, Colombia en conjunto con razas europeas muy comunes en este continente como la Holstein, la Jersey y la Brown Swiss y además una población Brahma (Mejías et al. 2015). En el segundo caso Delgado et al. (2015), analizaron 26 poblaciones de criollos que incluía los Texas Longhorn del sur de E.U y del Caribe y varios países de América del Sur y encontraron en tan amplia muestra menos del 10% de la variación total debida a la dispersión de las poblaciones en el análisis multilocus. Esa característica se ratifica al observar los Fst en la misma tabla, los cuales son bajos con excepción de los criollos Hartón del Valle y otros criollos colombianos analizados por Piedrahita et al. (2007). Ni el análisis realizado por Egito et al. (2007) para diferentes poblaciones de criollos brasileros alcanzó el 5%. Aquino et al. (2008) también señalaron la baja diferenciación entre poblaciones criollas peruanas.

**Tabla 2. Resultados de los porcentajes de varianza entre poblaciones del AMOVA y los Fst en diferentes estudios con bovinos Criollos.**

<b>Raza</b>	<b>País</b>	<b>Porcentaje de la varianza entre</b>	<b>Autores</b>
<b>Criollos</b>	<b>Costa Rica</b>	<b>0,03</b>	<b>Martínez et al. 2015</b>
<b>Criollos y Hartón del Valle</b>	<b>Colombia</b>	<b>0,39</b>	<b>Piedrahita et al. 2007</b>
<b>Criollo, europeas y Brahma</b>	<b>Costa Rica</b>	<b>0,02</b>	<b>Cordero et al. 2013</b>
<b>Nariño, europeas y Brahma</b>	<b>Colombia</b>	<b>(5,26%) 0,06</b>	<b>Mejías et al. 2015</b>
<b>Locales</b>	<b>Brasil</b>	<b>0,04</b>	<b>Egito et al. 2007</b>
<b>Ayacucho, Junín, Puno</b>	<b>Perú</b>	<b>0,0-0,03</b>	<b>Aquino et al. 2006</b>
<b>Romosinuano</b>	<b>Colombia</b>	<b>0,12</b>	<b>Bejarano et al. 2012</b>
<b>Lojano</b>	<b>Ecuador</b>	<b>0,08</b>	<b>Aguirre et al. 2014</b>
<b>Manabita</b>	<b>Ecuador</b>	<b>0,11</b>	<b>Cevallos et al. 2017</b>
<b>Argentinos Bolivianos</b>	<b>y Argentina-Bolivia</b>	<b>0,11</b>	<b>Lirón et al. 2002</b>
<b>Patagónico</b>	<b>Argentina</b>	<b>0,12</b>	<b>Martínez 2008</b>
<b>26 razas de Criollos</b>	<b>América</b>	<b>(8,4%)</b>	<b>Delgado et al. 2015</b>
<b>Holstein</b>	<b>Colombia</b>	<b>(1,4)0,04</b>	<b>Echeverri et al. 2015</b>

**Porcentajes de varianza entre poblaciones entre paréntesis.**

## Conclusiones

Los bovinos criollos presentan muy poca variación entre sus poblaciones, la distancia que las separa no es muy marcada, pero disponen de un genofondo con numerosos alelos en los locus analizados y su heterocigosidad y polimorfismo es alta.

**Conflicto de intereses:** No se confrontaron problemas de diferencias entre los autores y los ganaderos y operarios de las granjas donde se tomaron las muestras.

**Agradecimientos:** A la dirección de Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad de Cuenca por el tiempo que han autorizado para realizar este proyecto y a la Dirección de Investigación de la Universidad de Cuenca (DIUC) por haber otorgado un fondo de financiamiento al proyecto de bovinos criollos, en el marco del cual se realizó esta revisión para esta conferencia.

## Referencias bibliográficas

Acosta A.C, O. Uffo, A. Zans, R. Ronda, R. Osta, C. Rodellar, P. Martin-Burriel, P. Zaragoza. (2013). Genetic diversity and differentiation of five Cuban cattle breeds using 30 microsatellite loci. *Animal Breeding and Genetics*. Vol 130(1).

Aguirre L., L. Chalco, G. Apolo. (2014). Caracterización genética de la población bovina de la Región sur del Ecuador y su relación genética con otras razas bovinas. *Animal Genetic Resources*.54, 93–101. © Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2014 doi:10.1017/S2078633613000313.

Aquino Y.N., E.A. Veli, E. Rivas Seoane, V. Rivas Palma y R. Estrada. (2008). Variabilidad genética de bovinos criollos de Perú utilizando marcadores microsatélites. *Arch. Zootec*. 57 (219): 337-340.

Armstrong E., A. Postiglioni, A. Martínez, G.I. Rincón, J.V. P. Vega. (2006). Microsatellite analysis of a sample of Uruguayan Creole bulls (*Bos taurus*). *Genet. Mol. Biol*. 29(2).<http://dx.doi.org/10.1590/S1415-47572006000200012>.

Bedoya G. L. Carvajal, N. Bermúdez, F.L. Moreno, M.E. Márquez. (2001). Estructura molecular y poblacional del ganado criollo Colombiano (GCC). *Rev Colomb Cienc Pec*. 14:2.

Bejerano D.G., A. L. Pedraza, J.F.L. Rocha, R.S. Martínez. (2012). Variabilidad genética en subpoblaciones comerciales de la raza criolla colombiana Romosinuano. *Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria*.13(1):97-10.

- Cevallos O.F.F. (2017). Caracterización morfológica y molecular del bovino criollo en la provincia de Manabí (ECUADOR). © Edita: UCOPress. 2017 Campus de Rabanales Ctra. Nacional IV, Km. 396 A 14071 Córdoba. [www.uco.es/publicaciones\\_publicaciones@uco.es](http://www.uco.es/publicaciones_publicaciones@uco.es)
- Cordero-Solorzano J.M., B. L. Vargas, B.R. León, I.G. Chacón, M. P. Martínez. (2015). Biodiversidad genética en bovinos de ocho regiones en Costa Rica. *Agron. Mesoam.* 26(2):191-202.
- Delgado J.V., A.C. Acosta, A. Martínez, L. A. Álvarez, et al. (2012). Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers. *Animal Genetics*. DOI: 10.1111/j.1365-2052.2011.02207.
- Echeverri J., C.I. Saldamando, A. H. López. (2015). Genetic structure analysis of a Holstein cow population. *Rev.Colomb.Cienc.Pecu* . 28(1):54-63.
- Egito A.A., S.R. Paiva, M.S.M. Albuquerque, A.S. Mariante, L.D. Almeida, S.R.Castro, D. Grattapaglia. (2007). Microsatellite based genetic diversity and relationships among ten Creole and comercial cattle breeds raised in Brazil. *BMC Genetics*.8:8. <http://www.biomedcentral.com/1471-2156/8/83>.
- Lirón J.P., M.V. Ripoli, J.C. De Luca, P.G. Peral y G. Giovambattista. (2002). Analysis of genetic diversity and population structure in Argentine and Bolivian Creole cattle using five loci related to milk production. *Genet. Mol. Biol.* 25(4). <http://dx.doi.org/10.1590/S1415-47572002000400010>
- Martínez R.D. (2008). Caracterización genética y morfológica del bovino criollo argentino de origen patagónico. Tesis Doctoral. Dpto. Ciencia Animal. Universidad Politécnica de Valencia. España. [file:///C:/Users/FRP/Desktop/3erCongreso/Ruen\\_Martinez%20Patagónico%20criollo.pdf](file:///C:/Users/FRP/Desktop/3erCongreso/Ruen_Martinez%20Patagónico%20criollo.pdf).
- Martínez M., B. Vargas, J.M. Cordero, I. Chacón, B. León. (2015). Diversidad genética entre subpoblaciones raciales bovinas de Costa Rica. (2015). *Agronomía Costarricense*.39(2):33-45.
- Mejías L. G., R. A. Hernández, C. Y. Rosero, C. E. Solarte. (2015). Análisis de la diversidad genética de ganado bovino lechero del trópico alto de Nariño mediante marcadores moleculares heterólogos de tipo microsatélites. *Rev Med Vet Zoot.* 62(3):18-33.
- Ortega J.T., L.F. García. (2010). Polimorfismo de microsatélites en individuos de razas de bovino criollo colombiano. *Acta Biol. Colomb.*15(1):223–230.
- Piedrahita A.M., A. Posso, J.E. Muñoz, L.A. Álvarez. (2008). Variabilidad genética de Hartón del Valle mediante RAM. *Acta Agron.* 57(1).
- Pereira J.A.C., L. Gutiérrez, M. Siancas, J. Orellana, A.J. Loza, A. M. Rogberg, N.S. Castillo, D.M. Posik, G. Giovambattista. (2017). Caracterización genética mediante marcadores autosómicos, mitocondriales y del cromosoma Y de bovinos criollos de los valles del departamento de Santa Cruz, Bolivia. *Actas Iberoamérica en Conservación Animal AICA*.10:41-50.



Villasmil Y. (2007). Villasmil Y.O., R. Bravo, L.C. Yáñez, G. Contreras, J. Jordi, J.A. Aranguren. (2008). Diversidad genética de la raza criollo limonero utilizando marcadores de ADN microsatélites. *Revista Científica*, vol. XVIII, núm. 4, pp. 415-423.