

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA MEDIANTE MARCADORES AUTOSÓMICOS, MITOCONDRIALES Y DEL CROMOSOMA Y DE BOVINOS CRIOLLOS DE LOS VALLES DEL DEPARTAMENTO DE SANTA CRUZ, BOLIVIA

GENETIC CHARACTERIZATION OF THE CREOLE CATTLE POPULATION FROM *LOS VALLES* (SANTA CRUZ, BOLIVIA) THROUGH AUTOSOMAL, MITOCHONDRIAL AND Y-CHROMOSOME GENETIC MARKERS

Pereira J.A.C.^{1*}, Gutierrez L.¹, Siancas M.¹, Orellana J.¹, Loza A.J.¹, Rogberg-Muñoz A.²,
Castillo N.S.², Posik D.M.², Giovambattista G.²

¹Departamento de Genética. Universidad Autónoma Gabriel René Moreno, Facultad de Ciencias Veterinarias, Santa Cruz - Bolivia.

*antonios8@hotmail.com.

²IGEVET. CONICET - La Plata. Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Veterinarias. La Plata - Argentina.

Keywords: Microsatellites; Genetic diversity; Maternal lineages; Paternal lineages.

Palabras clave: Microsatélites; Diversidad genética; Linajes maternos; Linajes paternos.

ABSTRACT

In Bolivia, there are currently three types of Creole cattle: Altiplano, Valleys, and Plains. The cattle of the Valleys comprise isolated populations which have been little studied so far. The objective of the present study was to perform the genetic characterization of the Creole cattle from the Valleys of Santa Cruz. We analyzed 17 autosomal microsatellites (STRs), 5 STRs and one indel of the Y chromosome and a fragment of the D-Loop region of mitochondrial DNA. DNA was extracted from 98 Creole animals belonging to: 25 from the population of the Valleys of Santa Cruz, 35 from Yacumeño Creole, 17 from Saavedreño Creole, and 21 from Creole of the Centro de Ecología Aplicada Simón I. Patiño (CEASIP). The 17 autosomal loci studied were polymorphic. The average number of alleles per locus was 5.18, ranging from two to 10. The Heterozygosity values observed in the studied STRs varied between 0.083 and 0.898, resulting in an average heterozygosity of 0.664. The analysis of the Y chromosome markers allowed the detection of two haplotypes, one from *B.taurus* origin (Y2 haplogroup; - Vall) and other of zebu origin (Y3 haplogroup). The analysis of the maternal lineages detected ten mitochondrial haplotypes, three belonging to the European haplogroup T3 and seven to the African haplogroup T1. The analysis of genetic distances and the principal component analysis, based on microsatellite data, showed that the population studied exhibited a larger divergence with respect to the other Bolivian Creole cattle populations. Maternal genetic composition showed a mixed European and African origin. Finally, the analysis of the Y chromosome, as well as the Structure analysis showed that the population of Creole cattle of the Valley showed introgression of Zebu genes. The study can be the starting point to create conservation programs for the Creole cattle from the valleys of Santa Cruz, which is an important animal resource that must be conserved.

RESUMEN

En Bolivia existen tres tipos de bovinos criollo: del altiplano, de Los Valles y de Los Llanos. El ganado de los valles es una población aislada y poco estudiada. El objetivo del presente estudio fue caracterizar genéticamente el criollo de los valles de Santa Cruz. Se analizaron 17 microsatélites (STRs) autosómicos, 5 STRs y un indel del cromosoma Y y un fragmento de la región de control de la replicación del ADN mitocondrial. Se extrajo ADN de 98 muestras de animales de raza criolla: 25 de los Valles, 35 individuos de criollo Yacumeño, 17 criollo Saavedreño y 21 criollo del Centro de Ecología Aplicada Simón I. Patiño (Ceasip). Los 17 loci autosómicos estudiados fueron polimórficos. El número de alelos promedio por locus fue de 5,18, variando entre 2 y 10. Los valores de Heterocigosis Esperada observados en los STRs estudiados variaron entre 0,083 y 0,898, resultando en una heterocigosis promedio de 0,664. El análisis de los marcadores del cromosoma Y permitió la detección de dos haplotipos uno de origen *Bos taurus* (haplogrupo Y2 - Vall1) y otro de origen *B.indicus* (haplogrupo Y3). El análisis de los linajes maternos permitió detectar diez haplotipos mitocondriales, tres pertenecientes al haplogrupo europeo y siete al africano. Los análisis de distancias genéticas y de componentes principales, basados en los datos de los microsatélites, evidenciaron que la población estudiada presentó un mayor grado de divergencia con respecto al resto de las poblaciones de bovinos criollo bolivianos. La composición genética materna evidencia un origen mixto europeo y africano. Por último, el análisis del cromosoma Y, así como, el de asignación racial mostró que la población de bovinos criollo del valle presenta introgresión de genes de ganado Zebu. El presente estudio puede constituir la base para la puesta en marcha de programas de conservación de este importante recurso zoogenético de los Valles de Santa Cruz.

INTRODUCCIÓN

La importancia de conservar los recursos zoogenéticos ha sido impulsada por la FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura) desde hace ya bastante tiempo. Para ello, esta organización indica que se requieren acciones urgentes, para de manera sistemática y bien organizada acopiar, procesar y diseminar datos relacionados con los recursos zoogenéticos (FAO, 2012). Bolivia esta inmersa dentro de los países firmantes de la declaración de Interlaken. Esto no es de extrañar ya que Bolivia esta catalogada a nivel mundial como uno de los países mega diversos del planeta. Mediante la ley 144 y el decreto supremo 29611, Bolivia prioriza la conservación de los recursos zoogeneticos. La Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Autónoma Gabriel René Moreno de Santa Cruz mediante el departamento de mejora genética comienza una serie de trabajos dirigidos a conservar el ganado criollo de Santa Cruz y crea en el año 2005 su programa de conservación de ganado criollo Yacumeño (Pereira *et al.*, 2008). Varios trabajos de caracterización genética y de valorización de la terneza de la carne del ganado criollo se han desarrollado desde entonces, no solo con el bovino Yacumeño si no con otros biotipos del llano de Santa Cruz, como lo son el Saavedreño, el criollo del Centro de Ecología Aplicada Simón I. Patiño (Ceasip) y el Chaqueño (Pereira *et al.*, 2011, Pereira *et al.*, 2012; Pereira *et al.*, 2014; Pereira *et al.*, 2015; Pereira *et al.*, 2016). Además de los llanos, Santa Cruz posee una gran extensión de territorio que son valles interandinos con una altura sobre el nivel del mar que va desde los 1.200 hasta los 2.500 m.s.n.m. Debido a su difícil accesibilidad en estos valles se encuentra ganado criollo que aun puede ser considerado típico de la raza. Sin embargo, no se debe descartar la introgresión de genes de ganado europeo y cebuino debido a falta de políticas y programas de mejora genética para el ganado criollo de los valles de Santa Cruz. Actualmente, no se conoce la situación desde el punto de vista genético del ganado

criollo de los Valles. El objetivo del presente trabajo fue estimar los niveles de diversidad genética global y evaluar los niveles de introgresión de genes de origen *Bos indicus* en la población de bovinos criollo de los valles mediante el análisis de marcadores genéticos moleculares del tipo microsatélites, estudiar los linajes maternos mediante el análisis de la región control (D-loop) del ADN mitocondrial, estudiar los linajes paternos mediante el estudio de polimorfismo del cromosoma Y. Los resultados obtenidos se compararon con los reportados para otras poblaciones de bovinos criollos bolivianos.

MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio incluyó el análisis de 98 muestras de ganado criollo: 25 corresponden a criollo de Los Valles (22 hembras y tres machos), 35 a criollos Yacumeño (23 hembras y 12 machos), 17 a criollo Saavedreño (17 hembras) y 21 a criollo del Ceasip (27 hembras y 6 machos). Esto permitió comparar a la población de los valles con otras poblaciones de bovinos criollo bolivianos. Por último, para determinar el grado de introgresión de genes Zebu se utilizó en el presente estudio datos de microsatélites, mitocondriales y de cromosoma Y pertenecientes a poblaciones de otras razas cebuinas (Nelore, N = 51; Brahman, N = 37; Gir, N = 20) y británicas (Angus, N = 48; Hereford, N = 20). Las muestras de sangre periférica se obtuvieron por punción yugular, utilizando el anticoagulante ACD (25 mM de ácido cítrico, 45 mM de citrato de sodio, 80 mM de glucosa) en una proporción sangre-ACD 6:1. El ADN total se obtuvo utilizando el kit comercial de extracción Wizard (Promega, WI, USA), siguiendo las instrucciones del proveedor. Para caracterizar la diversidad genética total de la población en estudio, su grado de mezcla y su relación con otras razas, el ADN de los bovinos criollos de Los valles fue genotipado utilizando un panel de diecisiete microsatélites autosómicos. Estos microsatélites han sido estandarizados y recomendados por la Sociedad Internacional de Genética Animal (International Society for Animal Genetics - ISAG, www.isag.org.uk/) y por la FAO (Van de Goor *et al.*, 2009): BM1818, BM1824, BM2113, BRR, CSRM60, CSSM66, ETH3, ETH10, ETH225, HEL9, INRA063, MN12, RM067, SPS115, TGLA122, TGLA126 y TGLA227. Con el fin de detectar los haplotipos del cromosoma Y (Linajes paternos) presentes los bovinos criollos de los valles se analizaron los microsatélites BM861, INRA189, BYM, UMN0103 y UMN0307 y el INDEL ZFY10 (Ginja *et al.*, 2009, 2011) en tres machos. Por último, con el fin de determinar los haplotipos mitocondriales (Linajes maternos) presentes en la población en estudio, un fragmento de 240 pares de base (bp) de la región hipervariable I de la región control del ADN mitocondrial (Posiciones 16.023 – 16.262) fue analizado mediante la técnica de PCR-secuenciación utilizando los primers L15960 (5'-GGTAATGTACATAACATTAATG-3') y H16334 (5'-CGAGATGTCTTATTTAAGAGG-3') sugeridos por Troy y col. (2001). La relación entre los haplotipos mitocondriales se determinó mediante el software Network (Bandelt *et al.*, 1995). La diversidad genética se calculó mediante el software Genepop, las matrices y los árboles filogenéticos se construyeron utilizando el programa de computación POPULATIONS 1.2.28 (Langella, 2000). Para la edición del dendograma, se empleó el programa TreeView 1.6.6. (Page, 2001). Los árboles filogenéticos se construyeron a partir de las matrices de distancia D_A y D_{SW} utilizando los métodos de UPGMA (Sneath y Sokal, 1973) y *neighbor-joining* -NJ- (Saitou y Nei, 1987). Para realizar el ACP a partir de las frecuencias génicas estimadas para cada población, se utilizó el programa PAST (*Palaeontological Statistics*; Hammer *et al.*, 2009). Por último se utilizó el programa Structure 2.3.4 (Pritchard, Stephens & Donnelly, 2000) para realizar para el análisis de cluster y estimar la proporción de mezcla de los animales evaluados. Estos

análisis se llevaron a cabo a partir de los datos obtenidos mediante la genotipificación de los microsatélites para cada población.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los 17 loci autosómicos tipificados en el presente trabajo fueron polimórficos, presentando en todos los casos al menos dos alelos con frecuencias apreciables. El número de alelos promedio por locus fue de 5,18, variando entre 2 en los marcadores BM1824, BM2113, ETH225, RM067 y TGLA227 y 10 en el STR TGLA122. Los valores de heterocigosis esperada (h_e) observados en los STRs variaron desde 0,083 en BM2113 y 0,898 en TGLA122, resultando en una h_e promedio de 0,664 (tabla I).

Tabla I. Diversidad genética medida a través del número de alelos (n_a), y la Heterocigosis esperada (h_e) y observada (h_o) para los microsatélites BM1818, BM1824, BM2113, BRR, CSRM60, CSSM66, ETH3, ETH10, ETH225, HEL9, INRA063, MN12, RM067, SPS115, TGLA122, TGLA126 y TGLA227 en ganado Criollo de los Valles de Santa Cruz (Santa Cruz, Bolivia). El equilibrio de Hardy-Weinberg se estimó mediante el índice FIS (*Genetic diversity observed through the number of alleles (n_a), expected (h_e) and observed (h_o) heterocigosity for the microsatellites BM1818, BM1824, BM2113, BRR, CSRM60, CSSM66, ETH3, ETH10, ETH225, HEL9, INRA063, MN12, RM067, SPS115, TGLA122, TGLA126 y TGLA227 in creole cattle from the valleys of Santa Cruz (Santa Cruz, Bolivia). The Hardy-Weimber equilibrium was estimated using the Fis index*).

Locus	n_a	h_o	h_e	F _{IS} – valor de p
BM1818	5	0,923	0,76	-0,225 - 0,164
BM1824	2	0,75	0,489	-0,571 - 0,090
ETH10	5	0,917	0,707	-0,315 - 0,432
ETH225	2	0,75	0,489	-0,571 - 0,093
ETH3	6	0,75	0,855	0,128 - 0,657
RM067	2	0,333	0,29	-0,160 - 1,000
SPS115	5	0,462	0,591	0,226 - 0,294
TGLA122	10	0,846	0,898	0,060 - 0,854
TGLA126	8	0,846	0,849	0,004 - 0,778
TGLA227	2	1	0,522	-1,000 - 0,002
BM2113	2	0,083	0,083	ND
BRR	6	0,818	0,814	-0,006 - 0,690
CSSM66	8	0,846	0,757	-0,123 - 0,670
CSRM60	5	0,6	0,737	0,194 - 0,565
INRA 063	5	0,667	0,746	0,111- 0,411
HEL9	7	0,909	0,848	-0,075 - 0,840
MN12	8	0,444	0,85	0,492 - 0,008
Promedio	5,18	0,703	0,664	p = 0,052

En los árboles construidos por el método UPGMA y NJ a partir de las distancias genéticas de DA y DSW se observaron dos clusters principales que incluían las razas de origen *B. Indicus* y *B. taurus*, respectivamente. En el grupo de animales *Bos taurus* las razas europeas se entremezclaron con las criollas americanas. Además, cabe destacar que la población de los Valles presentó la posición más divergente dentro de las razas de origen *B.taurus* (figura 1). Para resumir las relaciones genéticas entre las razas se realizó el análisis de componentes principales (ACP). Para este análisis se utilizaron las frecuencias génicas correspondientes a los 143 alelos de los microsatélites encontrados en las razas Angus, Hereford, criollo Yacumeño, criollo Saavedreño, criollo de los Valles, criollo del Ceasip, Gir, Nelore y Brahman.

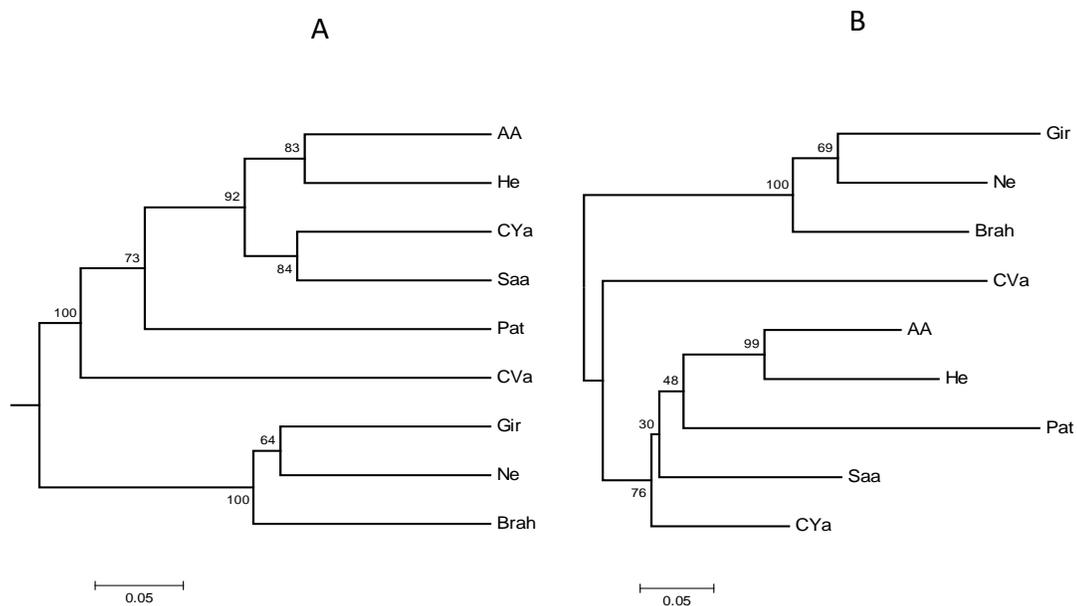


Figura 1. Fenogramas construidos con los métodos UPGMA (A) y NJ (B) a partir de la matriz de distancia D_A . Se incluyen las Brahman (Brah), Nelore (N), Gir (Gir), Aberdeen Angus (AA), Hereford (He), Criollo del Ceasip (Pat), Criollo de los Valles de Santa Cruz (CVa), Criollo Saavedreño (Saa) y Criollo Yacumeño (CYa). Los números en los nodos representan el porcentaje de ocurrencia del grupo en 1000 iteraciones del test de *bootstrap* (Fenograms built with the UPGMA (A) and NJ (B) from the matrix of distance D_A . The figure includes Brahman (Brah), Nelore (N), Gir (Gir), Aberdeen Angus (AA), Hereford (He), Criollo del Ceasip (Pat), Criollo de los Valles de Santa Cruz (CVa), Criollo Saavedreño (Saa) y Criollo Yacumeño (CYa). The numbers in the nodes represent the percentage of bootstrap values).

Las tres primeras dimensiones del ACP explicaron un total de 63 % de la varianza: 36 % en primer CP, 17 % el segundo y 12 % el tercero. Los resultados obtenidos evidenciaron que el primer componente permitió diferenciar claramente las razas Zebu de las europeas y criollas; mientras que el segundo componente permite diferenciar las razas europeas de las americanas (figura 2). Nuevamente el bovino criollo de los Valles presentó una posición extrema. Con el fin de estimar el grado de pureza de la población del criollo de los valles y determinar si es posible diferenciarla genéticamente a partir del uso del panel de 17 microsatélites se llevó a cabo un análisis de asignación racial. En primera instancia la variabilidad genética de los microsatélites

obtenida a partir de todas las razas analizadas se dividió en dos grupos ($k = 2$). Como se ve en la figura 3.a, los dos componentes identificados permitieron diferenciar los dos grandes tipos de bovinos domésticos: *B. taurus* (color verde) y *B. indicus* (color rojo). Cuando se los agrupo en tres clusters ($K = 3$), los resultados que se muestran Figura 3.b ponen en evidencia tres grupos: razas europeas (color verde), razas americanas (color rojo) y razas de ganado Zebu (color azul). Cabe destacar que como en el análisis anterior, la población de los Valles de Santa Cruz fue la que presentó mayor proporción de genes *B. indicus* (color azul) dentro de las poblaciones de ganado criollo. Esto podría ser una de las causas de la divergencia de esta población con respecto a las otras poblaciones de bovinos criollos bolivianos observada en los dendrogramas y en el análisis de componentes principales. El análisis de los marcadores del cromosoma Y muestreados en la población de ganado criollo de los Valles de Santa Cruz permitió la detección de dos haplotipos. Uno de ellos corresponde al haplogrupo Y2 de los *B.taurus* (haplogrupo Y2 - Vall) y el otro al haplogrupo Y3 de origen *B. indicus* (tabla II).

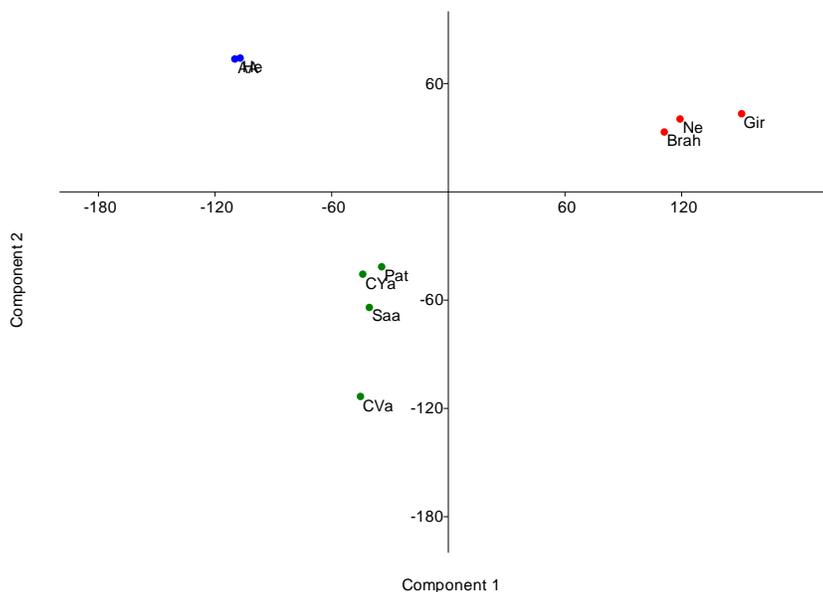


Figura 2. Representación de las razas en el espacio correspondiente a los dos primeros componentes principales. El ACP se calculó a partir de las frecuencias génicas transformadas de las razas cebuinas (en color rojo) Brahman (Brah), Nelore (N) y Gir (Gir); taurinas europeas (en color Azul): Aberdeen Angus (AA) y Hereford (He) y las razas de origen Criollo (en color verde): Criollo del Ceasip (Pat), Criollo de los Valles de Santa Cruz (CVa), Criollo Saavedreña (Saa) y Criolla Yacumeña (CYa) (*Breeds represented in the space corresponding to the first two principal components. The ACP was calculated from the genetic frequencies of the cebuine breeds (in red), Brahman (Brah), Nelore (N) y Gir (Gir); taurine breeds (in blue): Aberdeen Angus (AA) y Hereford (He) and the creole breeds (in green): Creole from Ceasip (Pat), Creole from the valleys of Santa Cruz (CVa), Creole from Saavedra (Saa) and C Yacumeña (CYa).*).

Tabla II. Haplotipos del cromosoma Y detectados en bovinos Criollo de los Valles de Santa Cruz, Bolivia, obtenidos mediante la tipificación de los microsatélites BM861, INRA189, BYM, UMN0103 y UMN0307 y el INDEL ZFY (*Haplotypes of Y chromosome detected in creole cattle from the valleys of Santa Cruz, Bolivia, obtained through the typification of the BM861, INRA189, BYM, UMN0103 y UMN0307 microsatellites and the ZFY INDEL*).

SAMPLE	BM861	INRA189	BYM	UMN0103	UMN0307	ZFY5indel	Haplogrupo
Vall	158	102	260	132	149	-	Y2
Val2	156	90	254	114	-	GT	Y3

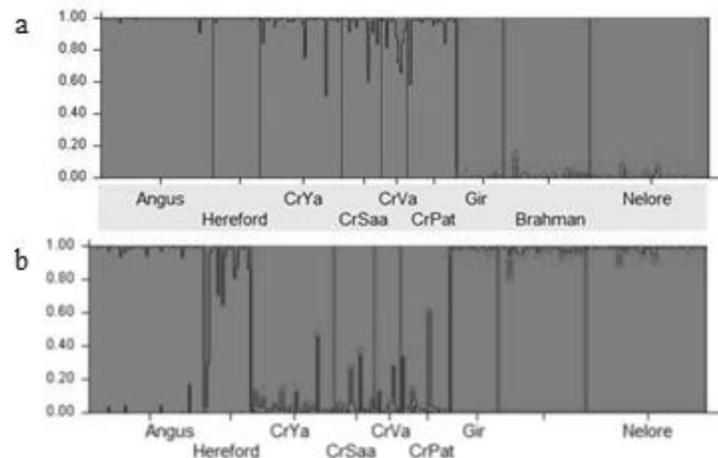


Figura 3. Representación de los resultados del análisis de cluster (Asignación Racial) realizado con el programa Structure a partir de los datos de 17 microsatélites de las razas cebuinas Nelore y Gir); taurinas europeas Angus y Hereford y las razas de origen Criollo del Ceasip (CrPat), Criolla de los Valles de Santa Cruz (CrVa), Criolla Saavedreña (CrSaa) y Criolla Yacumeña (CrCYa). a. K = 2; b. K = 3 (*Results of the cluster analysis (breed assignation) performed with the Structure program obtained from the 17 microsatellites of the Zebu breeds: nelore and gir; European cattle: Angus, Hereford, and the creole breeds Ceasip (CrPat), Creole from the valleys (CrVa), Creole from Saavedra (CrSaa) and Yacumeña (CrCYa). a. K=2; b. K=3*).

Estos resultados ponen en mayor evidencia que la población de bovinos criollo de los Valles estudiada en el presente trabajo presenta introgresión de genes Zebu, por la utilización de machos cebuinos como reproductores. Por último, mediante el análisis de los linajes maternos se detectaron diez haplotipos mitocondriales en la muestra total (figura 4; tabla III), tres europeos (aquí denominados CVG1, CVG3 y CVG4) y siete africanos (CVG2, CVG5, CVG6, CVG7, CVG8, CVG9 y CVG10). En los bovinos de esta población se detectaron las secuencias nodales europeas o T3 (CVG1) y africanas o T1 (CVG2) definidas por tres sitios polimórficos de la región D-loop (tabla III). Mientras que el haplotipo T3 está distribuido en todo el mundo, el T1 se encuentra en las razas africanas, mediterráneas y criollas americanas. Cabe destacar que cinco de estos haplotipos comparten un T en la posición 16.139 de ADN mitocondrial y parecen formar un sub-haplogrupo africano (figura 4, tabla III). En resumen, la composición genética de los linajes maternos de los bovinos criollos de los Valles de Santa Cruz, compuesta por haplotipos europeos y africanos, es típica de los bovinos criollo latinoamericanos y de la Península Ibérica, por lo que

puede explicarse el origen histórico de los bovinos criollos americanos. La alta proporción de haplotipos africanos podría ser explicada a través de los animales introducidos por los europeos durante los primeros años de la colonización de América y por introducciones posteriores directas de África siguiendo las rutas de ingreso de esclavos. En conclusión, la población de bovinos criollos de los valles de Santa Cruz aún presenta altos niveles de diversidad genética autosómica y mitocondrial, aunque con ciertos niveles de erosión genética debida a la introgresión de genes Zebu. Además, esta población evidencia características distintivas con respecto a los bovinos criollo bolivianos de los llanos. Estas evidencias sustentan la necesidad de implementar planes de conservación de las poblaciones de bovinos criollos de los valles de Santa Cruz.

Tabla III. Haplotipos y haplogrupos (europeos = T3; africanos = T1) mitocondriales detectados en los muestreos de 2000 y 2014 de la población de ganado Criollo de los Valles. Se detalla la posición en el ADN mitocondrial y el número de animales detectado para cada haplotipo. Las posiciones en negrita indican las posiciones diagnósticas del haplogrupo africano (*Mitochondrial haplotypes and haplogroups (European =T3; African = T1) detected in the population of creole cattle from the valleys in the year 2000 and 2014. The position of the mitochondrial DNA and the number of animals detected for each haplotipo. The positions in bold show the African haplogroup diagnostic site).*

Haplotipo	Posición											Haplogrupo	Número de animales				
	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1		1	2014	2000	Total	
	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1					
	6	6	6	6	6	6	6	6	6	6	5	6	6				
	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	2	2				
	5	5	5	6	8	1	1	3	4	4	5	4	5				
	0	5	6	6	4	0	3	9	1	7	4	7	5				
CVA1	C	T	A	A	C	C	T	C	T	T	A	C	T	Europeo	4	3	7
CVG3	C	T	G	A	C	C	A	C	T	T	A	C	A	Europeo	0	3	3
CVG4	C	T	A	A	C	C	T	C	C	T	G	C	T	Europeo	0	1	1
CVG2	T	T	A	A	C	C	C	C	T	T	A	C	C	Africano	0	1	1
CVG5	T	C	A	A	C	C	C	C	T	T	A	C	C	Africano	0	1	1
CVG6	T	T	A	A	C	C	C	T	T	T	A	T	C	Africano	0	1	1
CVG7	T	T	A	A	C	C	C	T	T	C	A	C	C	Africano	0	1	1
CVG8	T	T	A	A	T	C	C	T	T	T	A	C	C	Africano	0	1	1
CVG9	T	T	A	G	T	C	C	T	T	T	A	C	C	Africano	2	0	2
CVG10	T	T	A	A	C	T	C	T	T	T	A	C	C	Africano	1	0	1

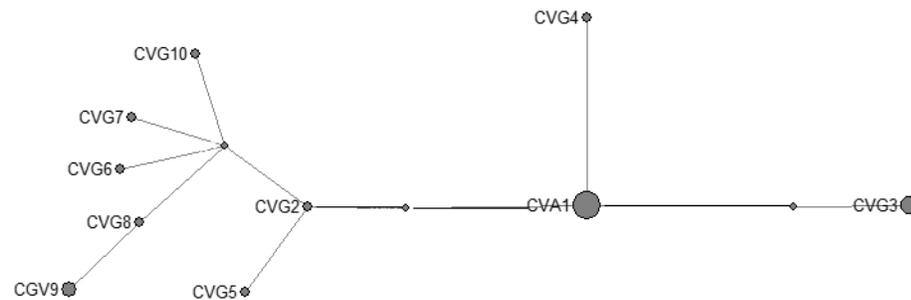


Figura 4. Network de los haplotipos mitocondriales (linajes maternos) identificados en la población de bovinos Criollo de los Valles de Santa Cruz. CVG1, CVG3 y CVG4 son haplotipos europeos, mientras que CVG2, CVG5, CVG6, CVG7, CVG8, CVG9 y CVG10 son haplotipos africanos. El tamaño de los nodos es proporcional al número de animales identificados con ese haplotipo (*Network of the mitochondrial haplotypes (maternal lineages) identified in the population of creole cattle from the valleys of Santa Cruz. CVG1, CVG3 y CVG4 are european haplotypes, and CVG2, CVG5, CVG6, CVG7, CVG8, CVG9 y CVG10 are african haplotypes. The size of the node is porportional to the number of animals identified in each haplotype).*

CONCLUSIONES

La caracterización genética de la población de bovinos criollo de los valles a través de un panel de microsatélites autosómicos, marcadores del cromosoma Y y del ADN mitocondrial permitió arribar a las siguientes conclusiones: La población estudiada presenta niveles de diversidad genética medida a través de marcadores autosómicos similares a los observados en otras poblaciones de criollos americanos. Se evidenció un mayor grado de divergencia con respecto al resto de las poblaciones de bovinos criollo incluidos en el presente estudio. La composición genética de los linajes maternos es típica del ganado criollo latinoamericano, evidenciando un origen mixto europeo y africano. Por último, el análisis del cromosoma Y así como el de asignación racial mostro que la población de bovinos criollo de los valles presenta introgresión de genes zebu, probablemente mediado por machos.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen al Fondo Argentino de Cooperación Sur-Sur y Triangular (FO.AR.) que financia el proyecto FO.AR. 6560, al Proyecto de Ganado Criollo del Centro de Investigación Agrícola Tropical (CIAT) dependiente de la Gobernación del Departamento de Santa Cruz, al Proyecto de Conservación de Ganado Criollo Yacumeño perteneciente a la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Autónoma Gabriel René Moreno y al Centro de Ecología Aplicada Simón I. Patiño (Ceasip).

BIBLIOGRAFÍA

- Bandelt H.J., Forster P., Sykes B.C., Richards M.B. 1995. Mitochondrial portraits of human populations using median networks. *Genetics*. 141(2):743-53.
- F.A.O. 2012. Realización de encuestas y seguimiento de los recursos zoogeneticos. Directrices FAO: Producción y sanidad animal. No.7. Roma.

- Ginja C., Penedo M.C., Melucci L., Quiroz J., Martínez López O.R., Revidatti M.A., Martínez-Martínez A, Delgado J.V., Gama L.T. 2010. Origins and genetic diversity of New World Creole cattle: inferences from mitochondrial and Y chromosome polymorphisms. *Anim Genet.* 41(2):128-41.
- Ginja C., Telo da Gama L., Penedo M.C. 2009. Y chromosome haplotype analysis in Portuguese cattle breeds using SNPs and STRs. *J Hered.* 100(2):148-57.
- Hammer O., Harper D.A.T., Ryan P.D. 2009. Past – Paleontological Statistics, ver 1.89.
- Langella O. 2000. Laboratoire Populations, Génétique et Evolution, Centre National de la Recherche Scientifique, CNRS UPR9034, Gif Sur Yvette, France.
- Page, R. D. M. 2001. Treeview 1.6. 6. Glasgow, Scotland: Division of Environmental and Evolutionary Biology, Institute of Biomedical and Life Sciences, University of Glasgow, Scotland.
- Pereira J.A.C., Hoyos R., Rojas P. 2008. Conservación Ex Situ de ganado Criollo Yacumeño en el Tropicó Boliviano. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal, IX Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos.* p. 495-499.
- Pereira J.A.C., Posik D.M., Hoyos R., Lirón J.P., Loza A., De Luca J.C., Peral-García P., Giovambattista G. 2011. Evaluación del efecto de la fragmentación poblacional del bovino Criollo Yacumeño sobre la diversidad mitocondrial. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal, AICA Vol. 1,* 157-160.
- Pereira J.A.C., Carino M.H., Hoyos R., Rogberg-Muñoz A., Loza A., Lirón J.P., Mamani T., Ripoli M.V., Giovambattista G. 2012. Diseño de un programa de conservación de un hato de Criollo Yacumeño por marcadores genéticos en Santa Cruz-Bolivia. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal, AICA Vol. 2,* 155 - 159.
- Pereira J.A.C., Rojas., Loza A., Molina G. 2014. Determinación de la frecuencia alélica de dos polimorfismos del gen *Calpain* (*CAPN-1*) asociado a terniza de la carne en bovinos Criollo del departamento de Santa Cruz. *Memorias de la XX reunión Nacional de la Asociación Boliviana de Producción Animal (ABOPA).* p. 120-127.
- Pereira J.A.C., Giovambattista G., Peña S., Lirón J.P., Loza A.J., Posik D., Baudoin M., Bomblat C. 2015. Análisis de linajes maternos y paternos de bovinos Criollo del Centro de Ecología Aplicada Simon I. Patiño - Bolivia. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal, Aica Vol. 6,* 474-484.
- Pereira J.A.C., Montero K., Rojas C., Rojas P., Loza A.J. 2016. Determinación de la frecuencia alélica de dos polimorfismos del gen de la *Calpain* (*CAPN-1*) asociados a terniza de la carne en bovinos de la raza Criollo Saavedreño de Santa Cruz. *Memorias de la XXI Reunión Nacional de la Asociación Boliviana de Producción Animal (ABOPA).* p. 33-38.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* 155: 945–959.
- Saitou, N., Nei M. 1987. The Neighbour-Joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution.* 4: 406-425.
- Sneath P.H.A., Sokal, R.R. 1973. *Numerical Taxonomy.* W. H. Freeman, San Francisco.
- Troy C.S., Machugh D.E., Bailey G.F., Magee D.A., Loftus R.T., Cunningham P., Chamberlain A.T., Sykes B.C., Bradley D.C. 2001. Genetic evidence for Near-eastern origins of European cattle. *Nature* 410:1088-1091.
- Van De Goor L.H.P., Panneman H., Van Haeringen W.A. 2009. A proposal for standardization in forensic bovine DNA typing: allele nomenclature of 16 cattle-specific short tandem repeat loci. *Animal Genetics,* 40(5), 630-636.