

## CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE UN REBAÑO DE BOVINO CRIOLLO PATAGÓNICO CHILENO.

### GENETIC CHARACTERIZATION OF A HERD OF CHILEAN PATAGONIAN CREOLE BOVINE

Jaime Piñeira V.<sup>(1)</sup>, Fernando Mujica C.<sup>(2)</sup>, Ricardo Felmer D.<sup>(1)</sup>, Manuel Ortiz L.<sup>4</sup>, Gabriela Pizarro I.<sup>(3)</sup>, Marcela Aracena N.<sup>(2)</sup>

<sup>(1)</sup>Laboratorio de Biotecnología Animal, INIA Carillanca, <sup>(2)</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Austral de Chile, <sup>(3)</sup> Facultad de Recursos Naturales, Universidad Católica de Temuco, <sup>(4)</sup> Centro de Inseminación Artificial, Universidad Austral de Chile.

#### ABSTRACT

**Key words:** creole bovine, genetic resources, diversity

The Criollo patagónico chileno (BCPC) (a type of Chilean creole that exist in the Patagonia) is a genetic resource that may have importance in the genetic improvement of extensive beef production systems both in the Aysen region as well as in other areas of Chile. Up to now there have been some studies designed to characterize phenotypically this type of animal but we are not aware of research aiming to determine its current conservation status and its population genetics, in comparison to other cattle breeds used in the country. The objective of this study was to characterize the genetic structure of a group of BCPC from a farm located in Mañihuales (Aysen); this structure was compared with that of other beef and dairy cattle breeds of common use in Chile. The analysis considered the use of 10 microsatellite markers recommended by FAO/ISAG that allowed to estimate several population genetic variables, perform Hardy and Weinberg proportions and identify groups genetically differentiated. Results indicate that the BCPC is an important source of bovine genetic variability, a characteristic that could be used along with its production characteristics and its adaptability to the Patagonian environment to further improve the genetics of cattle in the country.

#### RESUMEN

**Palabras claves:** bovinos criollos, recurso genético, diversidad.

El bovino criollo patagónico chileno (BCPC) es un recurso genético que puede tener gran importancia en programas de mejoramiento genético de la ganadería tipo extensivo que se desarrolla tanto en la región de Aysén como en otras zonas del país. A pesar de esto, y aunque se han realizado estudios destinados a caracterizar fenotípicamente a dicho grupo de animales, a la fecha no se habían realizado estudios genéticos destinados a conocer su estado de conservación, y su estructura genética poblacional en comparación con la observada en otras razas bovinas utilizadas en Chile. Considerando lo anterior, el objetivo del presente estudio fue caracterizar la estructura genética de un grupo de BCPC existentes en un predio de la localidad de Mañihuales, Región de Aysén, la cual fue comparada con las estructuras genéticas de otras razas bovinas utilizadas comúnmente en Chile, para la producción de leche y carne. El análisis consideró la utilización de 10 marcadores microsatélites recomendados por FAO/ISAG, mediante los cuales fue posible estimar una serie de variables genético poblacionales, realizar pruebas de equilibrio de Hardy y Weinberg, y detectar la conformación de grupos genéticamente diferenciados. Los resultados indican que el BCPC es una importante fuente de variabilidad genética bovina, lo que junto con sus características productivas y su adaptabilidad al ambiente patagónico, podrían

transformar a este grupo de animales en un importante recurso para la actividad ganadera nacional.

## INTRODUCCIÓN

Los recursos zogenéticos para la alimentación y la agricultura, además de constituir la base esencial del proceso evolutivo de la vida en el planeta, son una parte fundamental de la base biológica de la seguridad alimentaria mundial y contribuyen a los medios de vida de más de 1.000 millones de personas (FAO, 2007).

La amplitud de concepto de recurso genético animal incluye tanto a especies terrestres como acuáticas, autóctonas o nativas, e incluso a especies exóticas asilvestradas, cuyo germoplasma transmitido de generación en generación, asegura la variabilidad genética de las poblaciones y su capacidad intrínseca para sobrevivir ante cambios medioambientales (Aranguren-Méndez *et al.*, 2001).

Lamentablemente, a nivel productivo muchas veces no se ha logrado visualizar y valorizar dichos recursos y muy por el contrario, en sectores como el ganadero se tiende a menospreciar las características genéticas de funcionalidad y de adaptación de muchas razas nativas o criollas, en post de la selección de fenotipos más productivos capaces de dar respuestas más inmediatas a las demandas del mercado (Mujica 2008).

Como consecuencia de lo anterior, los recursos genéticos se están extinguiendo en el mundo en forma acelerada, hecho que ha sido informado por la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación, la cual indica que en la actualidad el 20% de las razas de animales de granja se encuentran en peligro de extinción, a una tasa de desaparición de una raza por mes.

La realidad chilena no es distinta a lo planteado anteriormente, y estudios han demostrado que en Chile existe una utilización deficiente de recursos genéticos, como las razas criollas y nativas, en comparación con lo que se hace en otros países latinoamericanos como Brasil, Argentina, Colombia, Perú (Mujica, 2009), donde se ha avanzado en el levantamiento de información destinada

a conocer la estructuración genética de las poblaciones (Martínez *et al.*, 2007; Rivas *et al.*, 2007; Armstrong *et al.*, 2006; Martínez *et al.*, 2003; Lirón *et al.*, 2002; Zamorano *et al.*, 1998; Bouzat *et al.*, 1998), la variabilidad genética de los bovinos criollo con respecto a otros grupos de animales (Martínez *et al.*, 2005), la búsqueda de alteraciones cromosómicas (Género *et al.*, 1999), la estimación de heredabilidades para caracteres de interés productivo (Martínez *et al.*, 2005) y evaluaciones inmunogenéticas (Quinteros *et al.*, 1980).

La región de Aysén dispone de un recurso genético denominado Bovino Criollo Patagónico Chileno o bagual (en adelante BCPC), el cual ha sufrido considerables reducciones de su censo poblacional y que sobrevive únicamente gracias al esfuerzo de algunos ganaderos de la zona que han valorado su gran rusticidad y facilidad de parto, consecuencia del pequeño tamaño del ternero al nacer (Mujica, 2009). Debido a estas cualidades dichos productores los han conservado para cruzarlos con vaquillas especialmente de la raza Hereford, en sistemas extensivos de producción de carne (Aracena *et al.*, 2008).

No existe plena certeza del origen de dicho ganado pero de acuerdo con antecedentes históricos, estos tendrían su origen en una corriente que comenzó en Venezuela y que luego llegó a Perú, Bolivia y Chile, desde donde posteriormente pasaron a Argentina y Paraguay (Rabasa, 1993), donde llegaron a ocupar enormes extensiones de territorio (Martínez, 2007).

Respecto del origen del BCPC se puede decir que no se tiene plena certeza de cómo llegaron los primeros animales a la patagonia chilena; sin embargo, existen dos documentos que sugieren que su llegada fue más bien tardía en comparación con otras regiones del continente, remontándose a mediados del siglo XIX. El primer registro que informa sobre la existencia de estos animales en la región de Aysén fue escrito por Santiago Marín Vicuña, ingeniero contratado por la Comisión Chilena de Límites,

que en el año 1897 observó una gran cantidad de animales en el valle del río Mayer (actual Provincia Capitán Prat). Al respecto Marin-Vicuña informa que según relatos realizados por indios Tehuelches, dichos animales habrían acompañado la expedición que el año 1869 realizó el explorador británico George Chaworth Muster (Marin-Vicuña, 1901; Martinic, 2005).

Otro arribo importante de bovinos criollos habría sido el año 1906, cuando el explorador británico William Norris, contratado por la Compañía Explotadora del Baker, ingresó a la región de Aysén con 1.300 cabezas de ganado criollo comprado en la localidad de Tecka, Argentina, y que fueron trasladadas al sector de Bajo Pisagua, localizado al sur de dicha región (Ivanoff, 2000). Según las memorias escritas por Norris el año 1939, las cuales fueron parcialmente publicadas por Ivanoff (2000), “a pesar que dichos animales eran muy salvajes, no conocían al hombre y solo eran arriados unas cuantas veces al año, eran lo suficientemente buenos como para adaptarse a los valles protegidos, pastos y abundante agua existente en la Patagonia chilena”.

En la actualidad la información existente acerca de las características, posibles ventajas y utilidades del BCPC es muy escasa. También se desconoce la situación actual en cuanto a los censos poblacionales, así como su nivel de

“pureza” o cruzamientos con otras razas y su estado de conservación (Aracena *et al*, 2008).

De acuerdo con lo anterior, el objetivo del presente estudio fue caracterizar la estructura genética de un grupo de BCPC localizados en un predio de la localidad de Mañihuales, Región de Aysén del General Carlos Ibáñez del Campo, el cual fue comparado con las estructuras genéticas de otras razas bovinas utilizadas comúnmente en Chile, para la producción de leche y carne.

## MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio se realizó en la XI Región de Aysén del General Carlos Ibáñez del Campo, en un predio ubicado a 7 km de la ciudad de Mañihuales. En dicho lugar existe un rebaño de BCPC que cuenta con unos 60 animales, de los cuales fueron evaluados 18 que de acuerdo a la información entregada por el agricultor, poseen más de un 50% de criollo.

### Toma de muestras

A los 18 animales evaluados les fueron tomadas muestras de pelo, las cuales fueron guardadas en bolsas de papel para posteriormente ser transportadas al laboratorio de biotecnología animal de INIA Carillanca

**Cuadro 1. Número de animales muestreados por raza y zona geográfica. Se indica el tipo de producción**

**Table 1. Number of animals sampled by breed and geographical zone. The type of production is indicated.**

Raza	Nomenclatura	Tipo de producción	Número de animales	Procedencia
Overo Colorado	OC1	Doble propósito	25	Región de la Araucanía
Overo Colorado	OC2	Doble propósito	15	Región de Aysén
Clavel de Carne	CC	Carne	18	Región de la Araucanía
Angus Rojo	AR	Carne	16	Región de la Araucanía
Hereford	HF	Carne	27	Región de la Araucanía
Charolais	CH	Carne	20	Región de la Araucanía
Overo Negro	ON	Leche	52	Región de la Araucanía
Holstein	HO	Leche	39	Región de los lagos
Bovino Criollo Patagónico Chileno	BCPC	----	18	Región de Aysén

**Cuadro 2. Partidores utilizados en la amplificación mediante PCR de cada uno de los loci microsatélites incluidos en el estudio.****Table 2. Primers used in the amplification by means of PCR in each one of the loci microsatellites included in the study.**

Microsatélite	Secuencia partidores	Rango	Cromosoma	Marcador	Hibridación		
Multiplex 1	ETH3 P1	GAA CCT GCC TCT CCT GCA TTG G	105-131	19	FAM	57°C/1	
	P2	ACT CTG CCT GTG GCC AAG T AGG					
	TGLA 122	P1	CCC TCC TCC AGG TAA ATC AGC.	136-180	21	FAM	57°C/1
		P2	AAT CAC ATG GCA AAT AAG TAC ATA C				
	TGLA227	P1	CGA ATT CCA AAT CTG TTA ATT TGC T	79-99	18	HEX	57°C/1
		P2	ACA GAC AGA AAC TCA ATG AAA GCA				
	BM1824	P1	GAG CAA GGT GTT TTT CCA ATC.	179-189		HEX	57°C/1
		P2	CAT TCT CCA ACT GCT TCC TTG.				
Multiplex 2	ETH10 P1	GTT CAG GAC TGG CCC TGC TAA CA	207-225	5	FAM	63°C/45	
	P2	CCT CCA GCC CAC TTT CTC TIC TC					
	BM2113	P1	GCT GCC TTC TAC CAA ATA CCC	122-142	2	HEX	63°C/45
		P2	CTT CCT GAG AGA AGC AAC ACC				
	ETH225	P1	GAT CAC CTT GCC ACT ATT TCC T	133-157	9	HEX	63°C/45
		P2	ACA TGA CAG CCA GCT GCT ACT				
Multiplex 3	INRA023 P1	GAG TAG AGC TAC AAG ATA AAC TTC	197-221	3	HEX	57°C/1	
	P2	TAA CTA CAG GGT GTT AGA TGA ACT C					
	TGLA126	P1	CTA ATT TAG AAT GAG AGA GGC TTC	115-131	20	NED	57°C/1
		P2	TTG GTC TCT ATT CTC TGA ATA TTC C				
	SPS115	P1	AAA GTG ACA CAA CAG CTT CTC CAG	242-258	15	NED	57°C/1
		P2	AAC GAG TGT CCT AGT TTG GCT GTG				

Chile. Las muestras antes señaladas se contrastaron con otras muestras obtenidas de 212 animales, distribuidos en 8 razas bovinas productoras de leche y carne, localizadas en las regiones de la Araucanía, Los Lagos y Aysén (Cuadro 1).

**Análisis de laboratorio**

A partir de cada muestra, se seleccionaron 10 pelos que presentasen un folículo piloso visible. Dichos pelos se lavaron brevemente con agua destilada y se cortaron a 1 cm del bulbo. Estas muestras se dispusieron en un tubo eppendorf, al cual se le agregó 100µL de tampón de lisis de pelo (Tween 20 0,5%, NP-40 0,6%, MgCl<sub>2</sub> 5mM, Tris-HCl 10mM, pH 8,3, KCl 50mM) y 0,6 µL de proteinasa K (20 mg ml<sup>-1</sup>). Las muestras se incubaron a 60°C por 1h en un termomixer (Eppendorf) con agitación de 800 r.p.m. y luego durante 15 min a 99°C, para inactivar la proteasa. Antes de ser utilizada para su amplificación mediante PCR, se centrifugó la muestra por 2 min a 14.000 r.p.m., para separar

las impurezas.

En el estudio se utilizaron 10 de los 20 marcadores microsatélite (Cuadro 2) recomendados FAO/ISAG, (2004), los cuales fueron analizados en el Centro de Inseminación Artificial, Universidad Austral de Chile, siguiendo un protocolo que consideró tres reacciones múltiplex en un termociclador Perkin Elmer modelo 9700. Cada reacción de PCR consideró un volumen de 20µ que contenía entre 20 y 100ng de ADN genómico, 100 µM de dNTP, 1,5 µM de MgCl<sub>2</sub>, entre 0,1 y 0,3 mM de partidor, tampón de PCR 1x y 1U de ampliTaQGold ADN polimerasa (Applied Biosystem). Las condiciones de reacción incluyeron una etapa inicial de desnaturalización del ADN por 5 min a 94°C, seguida de 35 ciclos de amplificación consistentes en: desnaturalización por 1 min a 94°C, hibridación por 1min a la temperatura adecuada para cada juego de primers y elongación por 1min a 72°C, para terminar con una etapa de extensión de 10min a 72°C.

**Cuadro 3. Valores de las variables poblacionales número de alelos ( $n_a$ ), riqueza alélicas ( $R_a$ ), heterocigosis observada ( $H_o$ ), heterocigosis esperada ( $H_e$ ) y la prueba de equilibrio de Hardy y Weinberg (HW).**

**Table 3. Values of the population variables, number of alleles ( $n_a$ ), allele richness ( $R_a$ ), observed heterocigosis ( $H_o$ ), expected heterocigosis ( $H_e$ ) and the Hardy Weinberg test (HW)**

Razas	Variables Poblacionales				Prueba de equilibrio de HW		
	$n_a$	$R_a$	$H_o$	$H_e$	$F_{IS}$	$X^2$	$P$
OC1	7.600±0.686	3.704±0.190	0.802±0.183	0.764±0.121	-0.050±0.143	19,630	0,481
OC2	6.000±0.471	3.633±0.193	0.827±0.118	0.762±0.086	-0.085±0.118	13,420	0,859
CC	6.800±0.490	3.649±0.197	0.685±0.184	0.759±0.113	0.098±0.160	37,845	0,009
AR	6.500±0.500	3.471±0.154	0.744±0.148	0.738±0.088	-0.008±0.167	28,385	0,101
HF	5.600±0.542	3.257±0.246	0.652±0.225	0.686±0.180	0.048±0.192	30,985	0,055
CH	6.600±0.653	3.280±0.259	0.660±0.235	0.677±0.218	0.025±0.159	31,302	0,051
ON	6.800±0.490	3.338±0.199	0.694±0.163	0.706±0.138	0.017±0.080	30,031	0,069
HO	6.900±0.605	3.458±0.223	0.615±0.204	0.724±0.148	0.149±0.201	84,055	0,000
BCPC	7.600±0.499	3.902±0.156	0.658±0.208	0.795±0.081	0.173±0.251	∞	a.s.

( $F_{IS}$ , Coeficiente de consanguinidad.,  $X^2$ , chi-cuadrada.,  $P < 0,05$  inconsistente con el equilibrio de HW.)

Una vez realizada la amplificación de los loci microsatélites, éstos se separaron mediante electroforesis capilar. A tal efecto, las muestras se cargaron en un secuenciador automático ABI Prism™ – 310 Genetic Analyzer, utilizando un Módulo GSSTR POP4 (1ml) D. Md4, 5 segundos de tiempo de inyección, 15,0Kv de voltaje de de inyección capilar, 15,0kv de voltaje de electroforesis y una temperatura de 60° C. Finalmente, el genotipado se llevó a cabo mediante el programa GeneScan 3.7.

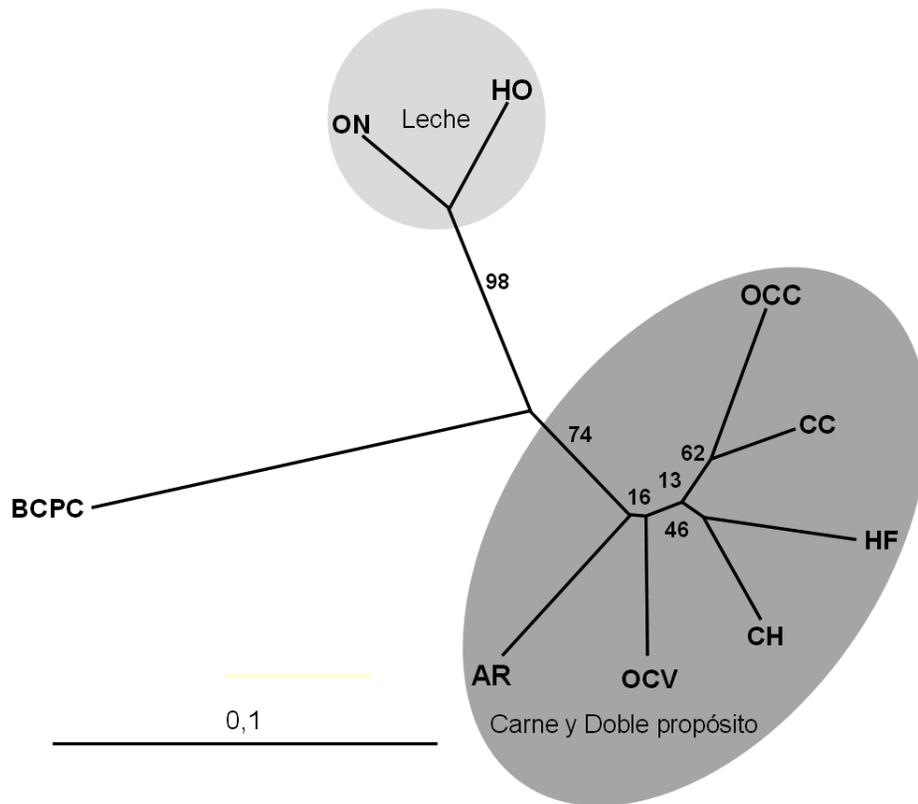
#### Análisis de datos

El análisis genético contempló la estimación de las variables poblacionales: número de alelos ( $n_a$ ), riqueza alélicas ( $R_a$ ), además de la heterocigosis observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ). De igual manera se realizó la prueba de equilibrio de Hardy y Weinberg (Falconer y MacKay 1996). Para tal efecto, se utilizaron los métodos de Weir y Cockerham (1984) y Robertson y Hill (1984), los que posteriormente fueron combinados mediante el método de Fisher's (1935). Posteriormente se estimó la distancia genética de Nei (Nei, 1987) y el índice de fijación  $F_{ST}$  (Wright, 1951). Los análisis se realizaron mediante los programas informáticos GenePop 4.0.10 (Raymond y Rousset, 1995) y FSTAT 2.9.3.2 (Goudet 1995). La visualización gráfica de los resultados se llevó a cabo mediante la confección de árboles filogenéticos mediante el método de Neighborjoining (Saitou y Nei, 1987). Para la confección de los árboles se utilizaron 1.000 juegos de datos (bootstraps);

en su cómputo y visualización se utilizaron los programas Population 1.2.30 (Langella, 2002) y Treeview 1.6.6 (Page, 2001)

A continuación se realizó un análisis de cluster, el cual permite relacionar a los individuos más parecidos genéticamente. Dicho análisis utiliza un algoritmo bayesiano que emplea un modelo basado en el método de cadenas Markov de Monte Carlo, que estima la distribución *a posteriori* de cada coeficiente de mezcla de cada individuo ( $q$ ). La media de esta distribución representa una estimación de la proporción que el genoma de un individuo tiene de las poblaciones parentales. Para el análisis se ha utilizado un periodo de burn-in de 100.000 repeticiones y 1.250.000 iteraciones y el programa Structure 2.3.3 (Pritchard *et al.*, 2000).

Finalmente se realizó un Análisis Factorial de Correspondencia (AFC), el cual es equivalente al Análisis de Componentes Principales para variables cualitativas. Dicha evaluación intenta explicar una variable hipotética (factor), por medio de un modelo lineal en el que el factor (o varios factores) se encuentra en función de un conjunto grande de variables observables. En el presente estudio, se utilizó el programa Genetix v.4.05.2 (Belkhir *et al.*, 2003), que elabora un gráfico 3D que corresponde a la codificación más conveniente para los datos de la genética de los organismos diploides, tal como fue propuesto por (She *et al.*, 1987). En dicho gráfico los objetos analizados se ven como una nube de puntos en un hiperespacio que tiene



**Figura 1.** Árbol filogenético confeccionados a partir de las distancias genéticas interpoblacionales de Nei, (1987) para las razas Overo Negro (ON), Holstein (HO), Angus Rojo (AR), Overo Colorado de Vilcún, Overo Colorado de Coyhaique, Carolais (CH) Hereford (HF) y Clavel de Carne (CC).

**Figure 1.** Philogenetic trees made using the genetic distances inter-polulations of Nei (1987) for the reces Overo Colorado from Vilcún, Overo Colorado from Coyhaique, Carolais (CH) Hereford (HF) and Clavel de Carne (CC).

tantas dimensiones como alelos. El algoritmo busca las direcciones independientes en este hiperespacio, la longitud de las cuales es la inercia. Estas direcciones, que son definidas por los vectores propios de la matriz, determinan una serie de ejes factoriales. Por convenio, el primer eje es el que tiene la contribución mayor a la inercia total.

## RESULTADOS

El Cuadro 3 muestra las variables genético poblacionales, número de alelos ( $n_a$ ), riqueza alélicas ( $R_a$ ), heterocigosis observada ( $H_o$ ) y heterocigosis esperada ( $H_e$ ), obtenidas en cada una de las razas evaluadas, así como los

resultados de los tests de equilibrio de Hardy y Weinberg agrupados mediante el método de Fisher's (1935).

En éste se puede observar que la raza con mayor número de alelos fue el BCPC ( $7.600 \pm 0,499$ ), mientras que la raza con menor número de alelos fue Hereford (HF;  $5,600 \pm 0,542$ ). Lo mismo pudo observarse en la variable riqueza alélicas, donde BCPC y Hereford mostraron valores de  $3,902 \pm 0,156$  y  $3,257 \pm 0,246$  respectivamente.

En cuanto a  $H_o$ , se observó que esta variable alcanzó sus mayores niveles en la raza Overo Colorado muestreada en la región de Aysén (OC2;  $0,827 \pm 0,118$ ), mientras que los menores valores se observaron en Holstein (HO;  $0,615 \pm 0,204$ ). Lo anterior contrasta con los

valores de  $H_e$ , que alcanzó su mayor y menor valor en BCPC ( $0,795 \pm 0,081$ ) y Charolais (CH;  $0,677 \pm 0,218$ ).

Con respecto a la prueba de equilibrio de Hardy y Weinberg, se detectaron inconsistencias significativas ( $P < 0,05$ ) para las razas Clavel de Carne (CC) y Holstein (HO), las cuales mostraron déficit de heterocigotos ( $F_{IS}$   $0,098 \pm 0,160$  y  $0,149 \pm 0,201$  respectivamente). De igual manera, se detectó un desequilibrio altamente significativo en BCPC, el cual se traduce en un importante déficit de heterocigotos ( $F_{IS}$  de  $0,173 \pm 0,251$ ).

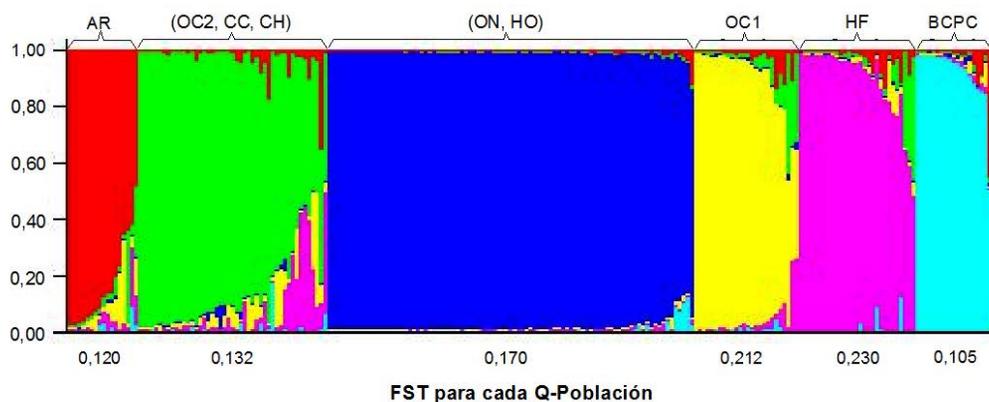
La Figura 1 muestra un árbol filogenético en el que se aprecia una distancia bastante considerable entre BCPC y los clusters conformados por las razas productoras de leche (HO y ON) y las razas productoras de carne y doble propósito (AR, CH, HF, CC y OC). Este resultado es congruente con los resultados del análisis de clusters (Figura 2), donde se observa

que los BCPC forman un cluster distinto a los conformados por las dos razas (HO y ON), (OC2, CC y CH), HF, OC1 y AR.

Por último, el Análisis Factorial de Correspondencia (Figura 3) muestra un resultado muy coherente con el análisis de clusters y el de distancias genéticas pues nuevamente se observan claros agrupamientos entre las razas productoras de leche y carne, mientras que los BCPC se sitúan a una distancia intermedia, con una ligera inclinación hacia los animales productores de carne y doble propósito.

## DISCUSIÓN

Los resultados del presente trabajo indican que a pesar del reducido número de BCPC que fue posible incluir en el análisis (18 animales), estos presentaron un nivel de variabilidad genética comparable a los observados en otras



**Figura 2.** Análisis individual de clusters. Cada barra representa a un individuo distinto, los cuales han sido ubicados en las 6 poblaciones (6 colores) que mejor explican el patrón genético presente en las 9 razas bovinas evaluadas. Cada una de las barras verticales (individuos) se encuentra en mayor o menor medida subdividida en segmentos de colores que representan las fracciones (membresía) de cada individuo a cada una de las 6 poblaciones identificadas. En el eje de las abscisas se presentan los valores del estadístico FST para cada una de las poblaciones; en eje de las ordenadas se muestran los valores de las Q estimaciones; y en la parte superior se muestra la distribución de los individuos pertenecientes a los distintos grupos raciales.

**Figure 2.** Clusters individual analysis. Each bar represents a different individual, which have been placed in the 6 populations (6 colors) that best explain the genetic pattern present in 9 breeds evaluated. Each of the vertical bars (individuals) is in more or less subdivided into segments of colors representing the fractions (membership) of each individual at each of the 6 identified populations. The x-axis shows the values of the FST statistic for each of the populations, in y-axis shows the values of Q estimates, and on top shows the distribution of individuals belonging to different racial groups.

razas utilizadas en Chile para la producción de leche y carne tales como Holstein, Angus Rojo, Charolais y Hereford. Al respecto es importante considerar que a diferencia de BCPC en la mayoría de estas razas se realiza inseminación artificial (IA) con semen importado, por lo que cuentan con un flujo constante de genes que explicarían la condición de equilibrio observada en la mayoría de los grupos raciales estudiados (Piñeira *et al.*, 2012).

A pesar de los comparables niveles de variabilidad genética, los análisis de distancias genéticas, clusters y el Análisis Factorial de Correspondencias, revelan que los BCPC se distanciarían tanto de las razas productoras carne como de aquellas productoras de leche, lo que se debe a que en BCPC existen variantes alélicas de los microsatélites utilizados, distintas a las observadas en los otros grupos raciales.

Dicha condición, puede ser explicada por la acción del denominado efecto fundador y la deriva genética (Falconer y Mackay, 1996).

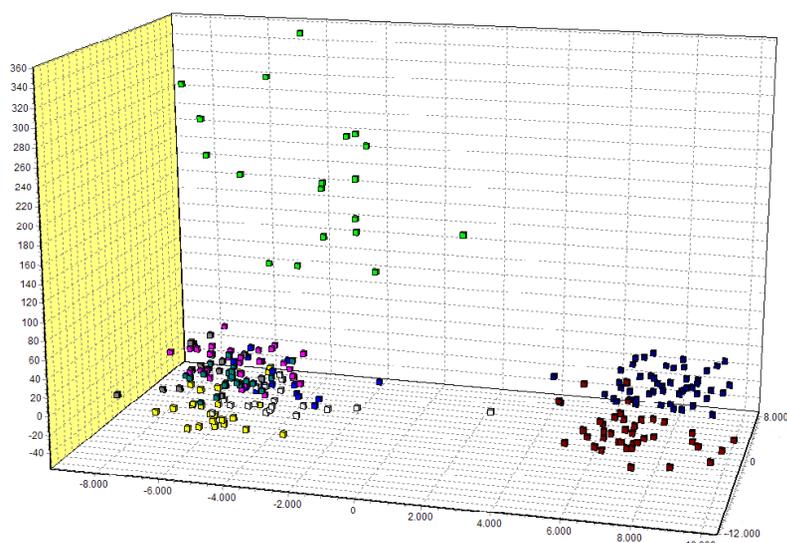
El efecto fundador, como su nombre lo indica, es un fenómeno que se origina cuando una población es constituida por un número de individuos (censo efectivo  $N_e$ ) muy reducido respecto de la población original. Como consecuencia, en la nueva población será posible encontrar una mayor frecuencia de alelos raros o carecer de otros comúnmente encontrados en la población de origen. En relación con esto, existen antecedentes que indican que a mediados del siglo XIX, específicamente en 1850, la población de Bovinos Criollos Patagónicos en la zona pampera argentina variaba en torno a las 20.000.000 de cabezas (Lebedinsky, 1967), por lo que el número de individuos que constituyó las poblaciones de BCPC debió ser una muestra muy pequeña de la población original. Como consecuencia del pequeño tamaño de las poblaciones fundadoras, lo más probable es que también se haya gatillado un proceso de deriva genética, es decir que producto del azar, algunas variantes alélicas de genes neutros pudieron haberse fijado en las poblaciones (frecuencia = 1) o simplemente pudieron haber desaparecido (Ubilla y Altuna, 2009).

Aunque el presente estudio no realiza un barrido total del genoma, limitándose al uso de 20 marcadores microsatélites que por definición

son neutros, es decir no se transfieren a ARN (Hamada *et al.*, 1984), no es posible descartar que haya ocurrido un proceso de diferenciación en lo que respecta a las variantes alélicas de genes con valor adaptativo. Esto último, debido que una vez constituidas las poblaciones los cambios en las frecuencias génicas de dichos polimorfismos debieron haber dependido de los procesos de selección generados de forma natural o por el hombre, en un prolongado período de adaptación a los entornos agroecológicos y de manejo en general. De esta manera, al igual que lo ocurrido con genes neutros, determinadas variantes alélicas asociadas a caracteres con valor adaptativo o productivo podrían haber visto aumentadas sus frecuencias génicas, mientras que otras pudieron desaparecer en un proceso de selección negativa (Ubilla y Altuna, 2009).

Al comparar las frecuencias genotípicas observadas con las frecuencias esperadas, la población de BCPC no presentó valores consistentes con una población en equilibrio de Hardy y Weinberg. De hecho, llama la atención la diferencia entre la heterocigosis observada ( $H_o$ ) y la esperada ( $H_e$ ) y el valor que alcanza en el estadístico  $F_{IS}$ , los cuales sugieren que la población estudiada presenta un déficit de heterocigotos. La explicación más plausible para esta situación estaría dada por el hecho de que la mayoría de los criadores de BCPC no cuentan con registros genealógicos que permitan controlar la endogamia, lo que sin duda alguna está provocando pérdidas significativas de variabilidad genética y reducción de los censos efectivos poblacionales.

Finalmente, de acuerdo a los resultados del presente estudio y lo señalado por autores como Thao *et al.* (1998), Caballero y Toro (2002), Piyasatian y Kinghorn (2003) y Simianer 2005, el grado de diferenciación polimórfica observado en la población de BCPC estudiada combinado con el mérito genético de este grupo de animales podría resultar en un importante indicativo de su valor como recurso genético. Sin embargo resulta urgente la realización de nuevos estudios que abarquen un número representativo de la población total de animales existentes en la Patagonia Chilena, la utilización de herramientas moleculares complementarias



**Figura 3. Análisis Factorial de Correspondencias Múltiples.** El círculo color azul agrupa a las razas productoras de leche Overo (ON) y Holstein (HO), el círculo rojo a las razas productoras de carne Clavel de Carne (CC), Angus Rojo (AR), Charolais (CH), Hereford (HF) y la raza de doble propósito Overo Colorado (OC). El círculo verde agrupa a los Bovinos Criollos Patagónicos Chilenos (BCPC). Puede observarse que los factores 1 y 2 explican el mayor porcentaje de la variabilidad observado, con valores de 30,20% y 21,38% respectivamente.

**Figure 3. Factorial analysis of multiple correspondences.** The blue circle brings together the milk-producing breeds Holstein (OH) and Overo Negro (ON), the red circle to the meat-producing breeds Clavel de Carne (CC), Angus Rojo (AR), Charolais (CH), Hereford (HF) and the dual purpose breed Overo Colorado (OC). The green circle groups the Chilean Patagonian Creole Bovine (BCPC). The factors 1 and 2 explain the higher percentage of the observed variability, with values of 30.20% and 21.38% respectively.

que permitan la realización de barridos geonómicos completos y estudios que permitan valorar productivamente a los animales.

materiales y humanos que permitan inventariar, caracterizar adecuadamente las poblaciones y conservar a este irremplazable recurso genético.

## CONCLUSIÓN

Conforme a los resultados del presente estudio el grado de diferenciación polimórfica observado en la población de BCPC estudiada es un importante indicador de su valor como recurso genético. Sin embargo el aislamiento de las poblaciones, la reducción de sus censos poblacionales, la inexistencia de programas de manejo y control de la endogamia, la pérdida de variabilidad genética y el inminente reemplazo por otras razas y especies ganaderas, tornan urgente la necesidad de destinar recursos

## BIBLIOGRAFÍA

- ARACENA, M., MUJICA, F., ELIZALDE, F. 2008. Caracterización fenotípica del Bovino criollo patagónico. VIII Congreso de la Federación Iberoamericana de Razas Criollas y Autóctonas. Valdivia, Chile. Libro de Actas: pp.75-82.
- ARANGUREN-MÉNDEZ, J., JORDANA, J., GOMEZ, M. 2001. Genetic diversity in Spanish donkey breeds using microsatellite DNA markers. *Genetics Selection and Evolution*. 33: 433-442.
- ARMSTRONG, E., POSTIGLIONI, A., MARTÍNEZ, A., RINCÓN, G., VEGA-PLA

- J. 2006. Microsatellite analysis of a sample of Uruguayan Creole bulls (*Bos taurus*). *Genetics and Molecular Biology*, 29: 267-272
- BELKHIR, K., BORSA, P., CHIKHI, L., RAUFASTE, N., BONHOMME, F. 2002. GENETIX 4.04, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire de Génétique, populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, Francia.
- BOUZAT, J. GIOVAMBATTISTA, G., GOLIJOW, C., LOJO, M., DULOUT, F. 1998. Genética de la Conservación de Razas Autóctonas: El Ganado criollo argentino. *Interciencia*, 23: 151-156.
- CABALLERO, A., TORO M.A. 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conservation Genetics*, 3: 289-299.
- FALCONER, D.S. Y MACKAY, T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th ed. Longman Scientific and Technical, New York, NY, Pp 49-83
- FISHER, R.A. 1935. The logic of inductive inference (with discussion). *J. R. Stat. Soc.* 98: 39-82.
- GENERO, E.R., RUMIANO, F.J.L., MORENO-MILLÁN, M. 1999. Estudio citogenético del ganado bovino criollo argentino biotipo patagónico. *Archivos de Zootecnia*, 48: 425-427.
- GOUDET, J. 1995. FSTAT (Ver. 2.9.3.2): a computer program to calculate F-statistics. *J. Heredity*, 86: 485-486.
- HAMADA, H., SEIDMAN, M., HOWARD, B.H., Y GORMAN, C.M. 1984. Enhanced gene expression by the poly(dT-dG)-poly(dC-dA) sequence. *Mol. Cell. Biol.*, 4: 2622-2630.
- IVANOF, DW. 2000. Caleta Tortel y su Isla de los Muertos. Editorial Terranova, Santiago de Chile. pp 21-32.
- KAUPE, B., WINTER, A. FRIES, R. ERHARDT, G. 2004. DGAT1 polymorphism in *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle breeds. *Journal of Dairy Research*, 71:182-187.
- LANGELLA, O. 2002. Population 1.2.28. Logiciel de génétique des populations. Laboratoire Populations, génétique et évolution, CNRS UPR 9034, Gif-sur-Yvette.
- EBEDINSKY, M. 1967. Estructura de la ganadería" Histórica y actual. 1ª. ed. Buenos Aires: Quipo. 1967.
- LIRÓN, J.P., RIPOLI, M.V., DE LUCA, J.C., PERAL-GARCÍA, P., GIOVAMBATTISTA, G. 2002. Analysis of genetic diversity and populations structure in Argentine and Bolivian Creole cattle using five loci related to milk production. *Genetics and Molecular Biology*. 25: 413-419.
- MARIN-VICUÑA, S. 1901. Al través de la Patagonia. Santiago de Chile, p. 99-100
- MARTINEZ, R.D., GIOVAMBATTISTA, G., RIPOLI, M.V. 2003. Patagonian Argentine Creole cattle polymorphism: comparison with North-West populations of this breed. *Veterinary science*, 74: 287-290
- MARTÍNEZ, R.D., FERNÁNDEZ, E. N., BRÓCCOLI A.M., MARTÍNEZ A., DELGADO, J.V. 2005. Variabilidad genética en el ganado bovino criollo argentino de origen patagónico. *Archivos de Zootecnia*, 54: 121-584.
- MARTÍNEZ, R.A., D. GARCÍA, J. L. GALLEGO, G. ONOFRE, PÉREZ J., CAÑÓN, J. 2007. Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. *Journal of Animal Science*, 86:545-552.
- MARTINEZ, R.D. 2007. Caracterización zoométrica de bovinos criollos: patagónicos vs. Noroeste argentino. *Rev. MVZ Córdoba* 12: 1042-1049
- MARTINIC, M. 2005. De la Trapananda al Aysén. Pehuén Editores, Santiago, p. 93-95.
- MUJICA, F. 2008. Recursos Genéticos Animales Nativos y Criollos en Chile. VIII Congreso de la Federación Iberoamericana de Razas Criollas y Autóctonas. Valdivia, Chile. Libro de Actas, p. 9-33.
- MUJICA, F. 2009. Diversidad y Conservación de los recursos zoogenéticos del país. *Agro Sur* 37: 134-175.
- NEI, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, Nueva York.
- ORGANIZACIÓN DE LAS NACIONES UNIDAS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA, SOCIEDAD INTERNACIONAL DE GENÉTICA ANIMAL (FAO/ISAG). 2004. Secondary Guidelines: Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): New Recommended Microsatellite Markers. (<http://dad.fao.org/>).
- ORGANIZACIÓN DE LAS NACIONES UNIDAS PARA LA ALIMENTACIÓN Y LA AGRICULTURA (FAO). 2007. 11ª Reunión Ordinaria, Comisión de Recursos Genéticos Para la Alimentación y la Agricultura. Roma, 11-15 de junio.
- PAGE, RDM. 2001. TreeView (Win32) version 1.6.6. Available from <http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/rod.html>.
- PIÑEIRA J., RÍO J., FLOODY H., FELMER R. 2012. Distribución de polimorfismos asociados al grado de infiltración de grasa intramuscular en siete razas bovinas de carne utilizadas en la Región de la Araucanía, Chile. *Arch Med Vet*, 44: 43-52.
- PIYASATIAN, N., KINGHORN, B.P. 2003.

- Balancing genetic diversity, genetic merit and population viability in conservation programmes. *Journal of Animal Breeding Genetics* 120: 137-149.
- PRITCHARD, J.K., STEPHENS, M., DONNELLY, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959.
- QUINTEROS, I.R., MILLER, W.J., TEJEDOR, E.D., POLI, M.A., RUIZ, A.A. 1980. Investigaciones inmuno genéticas en el bovino criollo argentino marcadores genéticos. *Analecta Veterinaria* 12 (1/2/3):37-59.
- RABASA, S. 1993. El bovino Criollo en los distintos países de América. En *Ganado Bovino Criollo Tomo 3*. Orientación Gráfica Editora SRL. 1ª Edición p.1-13
- ROBERTSON, A., HILL, W.G. 1984. Deviations from Hardy-Weinberg proportions: sampling variances and use in estimation of inbreeding coefficients. *Genetics* 107: 703-718.
- RAYMOND, M., ROUSSET, F. 1995. GENEPOP, Version 3.3: population for exact test ecumenism. *J Heredity* 86: 248-249
- RIVAS, E., VELI, E., AQUINO, Y., RIVAS, V., PASTOR, S., ESTRADA, R. 2007. Acciones para la caracterización y conservación del bovino criollo Peruano (*Bos taurus*). *Agri*, 40: 33-42
- SAITOU, N., NEI, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4: 406-425.
- SHE, J.X., AUTEM, M., KOTOULAS, G., PASTEUR, N., BONHOMME, F. 1987. Multivariate analysis of genetic exchanges between solea aegyptiaca and solea senegalensis (teleosts, soleidae). *Biological Journal of the Linnean Society* 32: 357-371.
- SIMIANER, H. 2005. Decision making in livestock conservation. *Ecological economics* 53: 559-572.
- THAON, D., ARNOLDI, C., FOULLEY, J.L., OLLIVIER, L. 1998. An overview of the Weitzman approach to diversity. *Genetic selection and evolution* 30: 149-161
- UBILLA, M. Y ALTUNA, C. 2009. *El Prisma de la Evolución*. Editorial DIRAC Facultad de Ciencias, Universidad la República, Montevideo Uruguay, 328p.
- WEIR, B.S. Y COCKERHAN, C.C. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38: 1358-1370.
- WINTER, A., KRAMER, W., WERNER, F.A., KOLLERS, S., KATA, S., DURSTEWITZ, G., BUITKAMP, J., WOMACK, J.E., THALLER G., FRIES, R. 2002. Association of a lysine-232/alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-CoA: diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content. *Proc Natl Acad Sci USA* 99: 9300-9305.
- WRIGHT, S. 1951. The genetic structure of populations. *Annals of Eugenics*, 15: 323-354.
- ZAMORANO, M.J., RUITER, J., RODERO, A., VEGA-PLA, J.L. 1998. Análisis genético de marcadores microsatélites en dos poblaciones de la raza bovina berrendo en negro. *Archivos de zootecnia* 47: 195-200.