Caracterización Fenotípica y Genotípica del ganado bovino criollo Pasorapeño Cochabamba, Bolivia

Freddy Lizon Ferrufino[1], Miguel Ángel Barrientos Gómez[1], Juan Antonio Pereira[2] , Ariel Loza Vega[2]
[1] Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal: Programa nacional de Ganadería y Forrajes
[2] Facultad de Ciencias Veterinarias: Universidad Autónoma Gabriel Rene Moreno

Resumen

Existen muchos causas que limitan la productividad de la ganadería bovino, uno de ellos es el bajo potencial genético de animales para adaptarse a ambientes adversos, donde no pueden expresar todo su potencial productivo. Los hatos en la ganadería bovina se componen principalmente de cruzas indefinidas entre razas, cebuinas, europeas y ganado criollo. Estos cruzamientos sin un control adecuado, han formado hatos con un mosaico indefinido de genotipos y grandes variaciones de productividad. La ganadería bovina en las provincias del Cono Sur del departamento de Cochabamba, constituye en un importante reservorio de población de ganado Bovino Criollo ampliamente adaptado a estas regiones y constituyen una importante actividad económica para los pobladores principalmente de las comunidades aledañas. Estas poblaciones de bovinos criollos además de su capacidad de adaptación a condiciones extremas de sequía en gran parte del año, presentan gran variabilidad morfológica, color, constitución y producción, conservadas desde más de cuatro siglos de sus progenitores ancestrales europeos. De este grupo se seleccionó e identifico con características fenotípicas de criollo a 307 cabezas de ganado repartidas en las 8 comunidades de los que se cuenta con una base de datos con las variables etológicas, fisiozootecnicas, faneropticas, morfoestructurales y zoometricas. De acuerdo a las evaluaciones que se les realizo y por sus caracteres fenotípicos se seleccionaron 56 animales a los que se le realizo un posterior análisis de variación genética (microsatélites autosómicos). Estudio que se lo realizo en el Instituto de Genética Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Nacional de la Plata. Mediante este estudio se ha podido obtener datos científicos que sirven de base para poder volcar recursos económicos a la conservación de este recurso zoo genético boliviano. El estudio molecular realizado demostró que hay una gran variabilidad genética y que el ganado criollo de Pasorapa inclusive se diferencia del criollo Yacumeño y más del Criollo del CIAT-Saavedra, que hace aún más importante tomar medidas para conservar y mejorar la productividad de este ganado. Los resultados de este estudio emitido por la entidad, claramente dice que los bovinos criollos de Pasorapa presentan un perfil génico semejante a la mayoría de razas criollos, y a través del análisis de diversidad genética, establece que la población bovina criolla de Pasorapa, posee características génicas propias que justifican su caracterización genética y fenotípica y por tanto recomiendan su conservación como recurso zoogenetico de Bolivia.

Palabras clave: Criollo, Pasorapa, gen, Autoctono

Abstract

The productivity of the beef farmers in Bolivia is limited due to different causes; one is the low genetic potential of the cattle to become adapted to different environments. In that situation, the animals cannot express their genetic potential. The bovine herds in Bolivia are generally crossbreed cattle between taurine and cebuine cattle imported recently and the Creollo cattle that came 500 years ago. These cattle was crossbreed without any objective therefore an undefined genotype with great variation in productivity is the general cattle of Bolivia. The cattle of the southern part of Cochabamba (Pasorapa) becomes an important reservoir of Creollo cattle, is well adapted and plays an important part in the economy of the farmers of that area. The cattle of Pasorapa presents a great variability of colors, morphological and production and represents the original cattle introduced by the Spaniards. 307 animals belonging to eight communities with Creollo characteristics were selected and the following variables were collected: etológicas, fisiozootecnicas, faneropticas, morfoestructurales y zoometricas. A posterior study used 56 animals for a genetic characterization of the Creollo cattle. The research was performed in laboratories of the Faculties of Veterinary Science of the Gabriel Rene Moreno University and The University of La Plata – Argentine. The results of the present study were important because due to that analysis scientific data were collected in order to determine that the Creollo cattle is a very important zoo genetic resource for Bolivia. The molecular analysis show a great variability the Creollo cattle of Pasorapa and the analysis demonstrated that this cattle has differences with other biotypes of Creollo cattle like the Yacumeño, and the Saavedreño Creollo cattle. This point makes that the conservation of the Pasorapa cattle becomes even more important. In concrete the results of this research indicates that the Creollo cattle of Pasorapa presents a genetic difference compared to other Creollo cattle and due to that reason is important the conservation and improve this unique genetic resource in Bolivia.

Keywords: Creole, Pasorapa, gene, autochthonous

Introducción

Hace algunas décadas, la presión de selección Bovino aumento, con el fin de mejorar la productividad, pero sin suficiente énfasis en la conservación de la diversidad genética. La eficiencia de los métodos modernos de selección, al mismo tiempo que la producción aumentó y condujo a una dramática pérdida de variabilidad genética. Con el desarrollo de las llamadas "razas industriales de alta productividad", la presión económica sobre los agricultores les llevó a abandonar la explotación de razas locales tradicionales, con tanta intensidad que algunas razas ya se han extinguido.

La conservación del ganado Criollo de Bolivia resulta ser cada vez más importante desde el punto de vista de conservación de genes adaptados a diversos ambientes (altiplano, valles y llanos). Esta conservación no se realiza de una forma sistemática y debido a cruzamientos con otras razas como ser Nelore en los llanos, Brahman en el Chaco y Holando en los valles y altiplano el conjunto de genes adaptados a diversos pisos ecológicos se está viendo disminuido en forma acelerada. A pesar de esta disminución del número de animales Criollo, Bolivia aún se encuentra liderizando la población de ganado Criollo a nivel sudamericano. Uruguay posee solo 600 animales considerados Criollo, Chile y Peru prácticamente poseen ganado mestizo y ya no Criollo como tal, Brasil, Colombia y Argentina están haciendo esfuerzos para conservar este genoma pero no tiene una población tan diversa como la que tiene nuestro país.

De ahí la importancia de conocer la diversidad genética de nuestro ganado Criollo, como el que se tiene en las provincias del Cono Sur del departamento de Cochabamba, constituyéndose en un importante reservorio de población de ganado Bovino Criollo ampliamente adaptado a estas regiones y constituyen una importante actividad económica para los pobladores principalmente de las comunidades aledañas. El municipio de Pasorapa que es la principal región ganadera de Cochabamba con aproximadamente 22.000 cabezas de ganado bovino y también tiene un área de influencia en la ganadería de Santa Cruz y Chuquisaca, departamentos con los que es limítrofe. (PDM PASORAPA-2014)

Estas poblaciones ganaderas se encuentran en peligro de extinción y de perdida de la variabilidad genética por efectos de la introducción de razas mejoradas, provocando una degradación genética, que afecta a la pureza y características de estas poblaciones criollas muy importantes para la zona. Se han desarrollado estudios para caracterizar genotípicamente a estos animales, a través de marcadores moleculares, con el objetivo de compararlos con otros genotipos bovinos. Por todo lo mencionado, se desea, a través de este estudio, Caracterizar fenotípica y genotípicamente el ganado bovino criollo del municipio de Pasorapa.

Materiales y métodos

El Municipio de Pasorapa es la segunda sección municipal de la Provincia Narciso Campero, Departamento de Cochabamba. De las que se tiene identificadas ocho comunidades como netamente ganaderas. Dentro del área de estudio se identificó a 307 cabezas de ganado como posibles criollas

Caracterización fenotípica

De los animales las variables morfométricos a considerar son: Ancho de cabeza (AC), Largo de cabeza (LC), Perímetro Torácico, Largo del Cuerpo, Alzada a la Cruz, Alzada a la Grupa, Ancho anterior de la grupa, Ancho posterior de la grupa, Largo de la Grupa, Características del Manto – Pelajes

Análisis estadístico para la correcta caracterización fenotípica del ganado bovino se evaluó el efecto de la comunidad, edad y sexo para cada una de las variables estudiadas; para lo cual se recurrió al diseño Completamente aleatorio con 2 factores (edad y sexo) el efecto de comunidad y efectos considerados asociados. Análisis de varianza (ANOVA)

$$y_{ijkl}=\mu+L_i+a_j+b_k+Q_{ij}+N_{ik}+E_{l(ijk)}$$

Caracterización Genética

Se trabajaron con 40 muestras de sangre con anticoagulante provenientes de bovinos criollos. El ADN total se extrajo a partir de las muestras de sangre utilizando el kit comercial Wizard® Genomic Purification (Promega, Madison, WI, USA) de acuerdo con las especificaciones del fabricante.

La Genotipificación del ADN genómico es a partir de los ADN obtenidos se amplificaron 17 microsatélites autosómicos (BM1818, BM1824, BM2113, BRR, CSRM60, CSSM66, ETH3, ETH10, ETH225, HAUT27, INRA023, RM067, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA126 y TGLA227) mediante PCR-multiplex, utilizando los primers previamente reportados (FAO, 2011). Los marcadores utilizados son parte de las lista de STRs recomendados por la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG, www.isag.org.uk/) y la FAO (http://www.fao.org/).

Análisis estadístico

Para la diversidad genética nuclear se estimó a través de la diversidad alélica (na) y heterocigosidad esperada (He, o diversidad génica) y observada (Ho) (Nei, 1978), las que son definidas como el número de variantes o alelos detectados y de individuos heterocigotas esperados y detectados en cada población, respectivamente. Estos índices estiman los valores de diversidad global de la población. Los niveles de consanguinidad se estimaron mediante el cálulo del equilibrio de Hardy–Weinberg equilibrium (HWE) para cada locus estimado mediante el estadístico FIS, empleando el test exacto. Este índice determina el exceso o déficit de genotipos homocigotas y heterocigotas en la población. Estos índices se estimaron a partir de los genotipos de mediante el macro de Excel MS-Tools y el software GENEPOP (Rousset, 2008).

Resultados

De acuerdo al análisis de varianza se pudo observar diversas significancias tanto para efecto de comunidad como para efecto de edad, en las variables de estudio expresadas en las tablas 1 y 2.

Tabla 1. Análisis de varianza para variables de caracterización fenotípica parte 1

Variable dependiente:	gl	PESO	CCU	LCU	AC	LCA	PT
Comunidad	7	18048,311*	19,085*	738,386*	21,584	1511,014*	582,289
Edad	3	98832,435*	37,654*	700,965*	32,509	3354,669*	2656,139*
Sexo	1	25821,857*	7,448	42,560	26,788*	220,371	1106,861
Comunidad * Edad	19	5790,285	15,146*	25,783	2,851	2722,456*	289,499
Comunidad * Sexo	5	9743,326*	17,736*	54,763	12,881*	25,810	496,564
Error	259	4074,225	6,558	34,783	2,974	257,577	397,414
Total corregido	294						

*= significancia al 95%, gl=grados de libertad, CCU=Circunferencia de cuerno, LCU=largo de cuerno, AC=ancho de la cabeza, LCA=largo de la cabeza, PT=perímetro torácico.

Tabla 2. Análisis de varianza para variables de caracterización fenotípica parte 2

Variable dependiente:	gl	LC	ALC	ALG	AAG	APG	LG
Comunidad	7	1373,460*	164,413	497,225*	951,802*	749,159*	2101,585*
Edad	3	2162,102*	339,871	480,308	184,524*	242,268*	212,270*
Sexo	1	550,263	16,177	111,051	,617	10,137	59,246
Comunidad * Edad	19	367,965	69,951	185,317	20,719	19,294	38,835
Comunidad * Sexo	5	429,779	123,006	173,632	30,562	34,490	170,376*
Error	259	327,750	336,385	205,661	31,799	15,609	29,700
Total corregido	294						

*= significancia al 95%, gl=grados de libertad, LC=largo de la cuerpo, ALC=alzada de la cruz, ALG=alzada de la grupa, AAG=ancho anterior de la grupa, APG=ancho posterior de la grupa, LG=largo de la grupa.

Se encontró diferencias significativas entre edades sobre las variables de peso, CCU, LCU, LCA, PT, LC, AAG, APG Y LG; por lo que se considera necesario formar los grupos fenotípicos diferenciando edades. Para el efecto del sexo del animal solo se encontró significancia ($p<0,05$) en la variable AC, por lo que no es prescindible tomarlo en cuenta al momento de formar grupos fenotípicos.

Diversidad Genética

Como se ve en la tabla 1, la población estudiada presentó valores de diversidad alélica y heterocigosidad promedio de 8,24 y 0,755, respectivamente. Esos valores se encuentran por arriba del rango estimado para el resto de las razas analizadas: 4,63-6,82 y 0,58-0,73. En la Tabla 2 se detallan los valores para cada uno de los 17 microsatélites analizados.

El análisis del índice FIS mostró que 9 (53%) de los 17 marcadores genéticos se encontraban en desequilibrio de Hardy-Weinberg, valor superior al 5% al esperado por azar. Sin embargo, 8 de los valores de FIS en desequilibrio fueron positivos (exceso de heterocigotas) y solo 1 presentó un valor negativo (exceso de homocigotas), lo que no estaría indicando niveles significativos de consanguinidad (Tabla 2). Este resultado está en concordancia con los altos niveles de diversidad observada en la población de bovinos criollos de Pasorapa.

Tabla 3. Estimación del número de promedio alelos y de la heterocigosidad promedio esperada (He,) y observada (Ho) para el panel de marcadores de tipo microsatélites en Angus, Hereford, Criollo Yacumeño, Criollo Saavedreño, Criollo de los Valles, Criollos de un establecimiento comercial y criollos Pasorapa, Gir, Nelore y Brahman.

Población	N	Marcadores	He	Ho	na
Angus	48	22	0,693	0,636	6,59
Hereford	20	22	0,697	0,642	5,59
Yacumeño	35	22	0,712	0,654	6,82
Saavedreño	17	22	0,737	0,645	5,95
Valles	11	19	0,589	0,624	4,63
Criollo Comercial	30	18	0,699	0,684	6,11
Pasorapa	40	17	0,755	0,664	8,24
Gir	20	22	0,608	0,503	4,91
Brahman	37	22	0,664	0,603	6,14
Nelore	51	22	0,623	0,569	5,68

N = número de animales analizados.

Tabla 4. Número de alelos (Na), heterocigosidad esperada (he), observada (ho) y estadístico FIS estimado para cada uno de los microsatélites analizados. En negrita se resaltan los valores de P inferiores al 0,05.

N°	Locus	Na	he	ho	FIS	(p-value)
1	BM1818	8	0,732	0,556	0,243	-0,004
2	BM1824	5	0,628	0,6	0,045	-0,316
3	ETH10	7	0,683	0,625	0,086	-0,537
4	ETH225	9	0,781	0,85	0,089	-0,03
5	ETH3	9	0,845	0,8182	0,032	-0,015
6	RM067	9	0,811	0,5833	0,284	-0,013
7	SPS115	8	0,522	0,5385	-0,032	-0,14
8	TGLA122	10	0,808	0,6842	0,155	-0,016
9	TGLA126	9	0,854	0,65	0,241	-0,0004
10	TGLA227	11	0,882	0,5313	0,402	0
11	BM2113	7	0,723	0,6111	0,156	-0,002
12	BRR	10	0,779	0,6216	0,204	-0,137
13	INRA023	10	0,885	0,8108	0,085	-0,008
14	CSSM66	8	0,803	0,7576	0,058	-0,155
15	HAUT27	5	0,535	0,4412	0,178	-0,551
16	CSRM60	8	0,812	0,875	-0,079	-0,158
17	TGLA53	7	0,76	0,7333	0,036	-0,366

Análisis de la relaciones entre las poblaciones de bovinos criollos

Para determinar la distancia genética y la relación población de bovinos criollos de la región de Pasorapa con otras poblaciones de bovinos Criollos y con otras razas taurinas europeas y cebuinas se utilizaron dos métodos: dendrogramas basados en las distancias genéticas Ds y Da de Nei y análisis de componentes principales (PCA). Como se ve en la figura 1, las poblaciones analizadas se dividen inicialmente en dos grupos: cebuino (que incluye Gir, Brahman y Nelore) y taurino. Este último cluster se divide a su vez en dos grupos, uno que incluye las dos razas británicas (Angus y Hereford) y el otro a cuatro razas criollas (Pasorapa, Yacumeño, Patiño y Saavedro). La población de Criollos de los Valles queda fuera de estos dos clusters. La población de bovinos Criollos Yacumeños es la que presenta menor distancia genética con la de Pasorapa. La figura 2a y b muestran la relación entre las razas analizadas analizada mediante la técnica de componentes principales. En coincidencia con lo observado en los dendrogramas, este análisis evidenció que: i las razas cebuinas se diferencian claramente de las razas taurinas, ii. la población de Pasorapa se encuentra próxima a otras tres razas criollas (Yacumeña, Saavedreña y Patiño), y iii. Los criollos de los valles diverge del resto de las razas taurina.

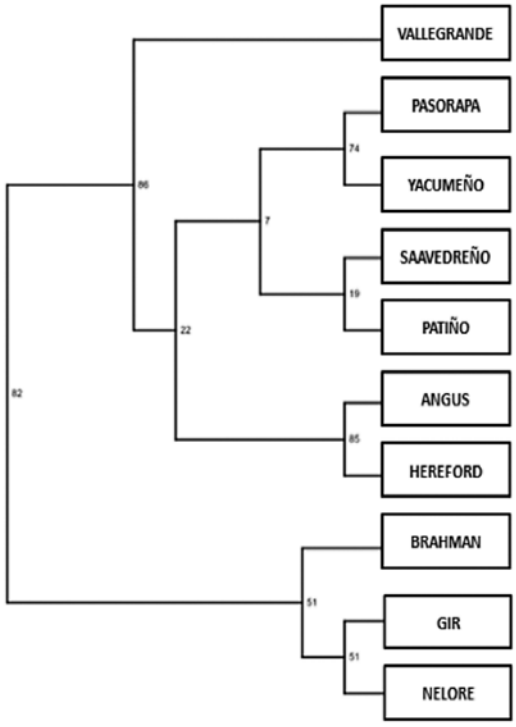

Figura 1. Dendrograma construido con el algoritmo UPGMA y basado en la distancia genética DA de Nei calculada a partir de las frecuencias génicas de 17 marcadores autosómicos del tipo microsatélites de las razas Angus, Hereford, Criollo Yacumeño, Criollo Saavedreño, Criollo de la Fundación Patiño, Criollo de los Valles, Criollos de Pasorapa, Brahman, Gir y Nelore.

2a. El análisis incluye todas las poblaciones

2b. En el análisis se excluyó la población de Criollos de los Valles

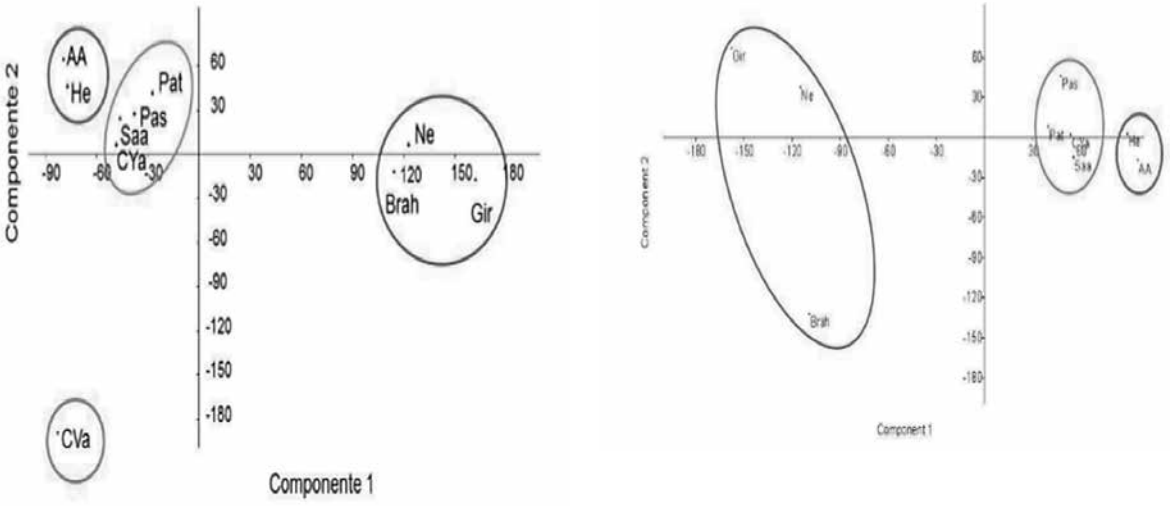

Figura 2. Análisis de Componentes Principales (PCA) basado en las frecuencias génicas de 22 marcadores autosómicos del tipo microsatélites estimadas para las razas Angus, Hereford, Criollo Yacumeño, Criollo Saavedreño, Criollo de la Fundación Patiño, Criollo de los Valles. Brahman, Gir y Nelore. 2a. El análisis incluye todas las poblaciones, 2b. En el análisis se excluyó la población de Criollos de los Valles

Niveles de mezcla génica

Con el fin de determinar el nivel de mezcla génica presente en la población de bovinos Criollos de la región de Pasorapa se llevó a cabo un análisis de asignación racial utilizando un análisis de cluster a partir de los genotipos obtenidos para 17 marcadores genéticos en 37 animales de la población en estudio. Además se incluyeron en el análisis animales de las razas Angus, Hereford, Nelore, Gir, Brahmán, criollos Saavedreño, Yacumeño, de la Fundación S. I. Patiño y de los valles. En un primer análisis se dividió la diversidad genética en dos componentes (k2). Como se ve la figura 3, se observan los dos componentes, uno de ellos corresponde al componente cebuino (color marrón) y taruino (color celeste). Los resultados obtenidos evidencian que la población de la Pasorapa presenta bajos niveles de introgresión de genes índicos (3,8%), variando entre 25,2% y 0,3% entre los animales analizados. Posteriormente, se llevó a cabo este análisis dividiendo la diversidad genética en tres componentes (k3). Como se ve en la figura 3 los bovinos criollos americanos se diferencian genéticamente (color marrón) de las razas taurinas británicas (color amarillo) y cebuinas (celeste). En el K4, los bovinos criollos se en dos grupos, uno de los cuales incluye a los criollo de Pasorapa y Yacumeño.

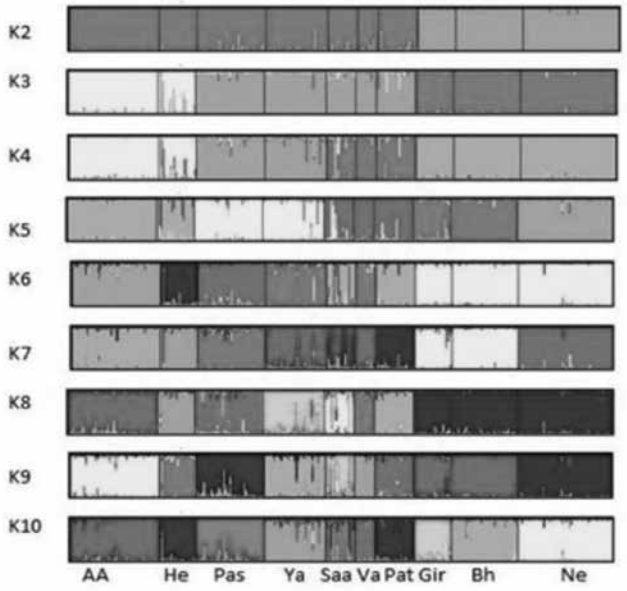

Figura 3. Análisis de asignación racial (K2 – K10) basado en los genotipos obtenidos para 17 marcadores genéticos en las razas Angus, Hereford, Nelore, Gir, Brahmán, criollos de la región Pasorapa, Fundación Simón I. Patiño, Saavedreño, Yacumeño y de los valles.

Conclusiones

Se determinó como pudimos observar en las tablas 1 y 2 que existe efecto de diversos factores sobre todas las variables consideradas excepto la alzada de la cruz, por lo que se los pudo analizar como características fenotípicas morfométricas; según varios autores las variables color de manto, presencia de cuernos y color de la punta de los cuernos son características fanerópticas de razas criollas.

Análisis de la relaciones entre las poblaciones de bovinos criollos, la población de bovinos criollos de la región de Pasorapa presenta un perfil genético semejante a la mayoría de las razas bovinas Criollas Saavedreño, Yacumeño y Patiño, lo que está de acuerdo con su origen y permite el intercambio entre estas poblaciones sin pérdida significativa de sus características genéticas

Niveles de mezcla génica, Estos resultados concuerdan con los obtenidos mediantes los árboles filogenéticos. De K6 en adelante la población de Pasorapa se diferencia de todas las razas/poblaciones incluidas en el análisis lo que pondría en evidencia que posee características genéticas propias que justificarían su caracterización genética y fenotípico y por los tanto su conservación como recurso zoogenético de Bolivia.

Referencias citadas

- Cabrera F. (2011) "LA GANADERÍA: SUSTENTO DE VIDA PARA LAS FAMILIAS DE PASORAPA". Fundacion AGRECOL Andes. Disponible en:
- http://web.agrecolandes.org/index.php/noticias/articulos/206-la-ganaderia-sustento-de-vida-para-las-familias-de-pasorapa. Consulta: Noviembre 2015.
- Chávez, B., Stemmer, A. y Ergueta, R. (2010) "Estudio preliminar de caracteres morfométricos del caprino criollo de Cochabamba, Bolivia". Panel. En: Memorias XI Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos, 17 al 19 de Noviembre de 2010, Joao Pessoa, Paraíba, Brasil, p 254-256
- Chávez B. (2014) "Caracterización del ganado criollo en el cono sur del departamento de Cochabamba". Tesis de grado para obtener el título de licenciatura en medicina veterinaria y zootecnia. Universidad mayor de San Simón Facultad de Ciencias Veterinarias. pp. 34, 37, 40.
- EcuRed (2013) "Microsatelite" Disponible en: http://www.ecured.cu/index.php/Microsat%C3%A9lite. Consulta: Diciembre 2015.
- FAO (Food and Agriculture Organization) (1993) Disponible en: http://www.fao.org/docrep/v8300s/v8300s0d.htm Consulta: Enero 2016.
- FAO (Food and Agriculture Organization) (2010) "ESTADO DE LA CUESTIÓN EN LA GESTIÓN DE LOS RECURSOS ZOOGENÉTICOS"; Estado de la cuestión en la gestión de los recursos zoogenético. Disponible en: http://www.fao.org/docrep/012/a1250s/a1250s00.htm. Consulta: Noviembre 2015
- Gobierno Autónomo Municipal de Pasorapa (2014) "Pacto social del municipio de Pasorapa Gestión PDM 2012-2016".
- González E. G. (2003). "MICROSATÉLITES: SUS APLICACIONES EN LA CONSERVACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD". Departamento de Biodiversidad y Biología Evolutiva, Museo Nacional de Ciencias Naturales, (CSIC), José Gutiérrez Abascal, 2. 28006, Madrid, España. e-mail: elenag@mncn.csic.es. Graellsia, 59(2-3): 377-388
- Oliver F. (1977). Fundamentos de genética. Libros McGraw de México. S.A. de C.V. México.
- Parés M. (2007). MEDIDAS ZOOMETRICAS DE CONFORMACIÓN CEFÁLICA EN BOVINOS ADULTOS MACHOS Y HEMBRAS. Facultada de veterinaria, Universidad autónoma de Barcelona. Departamento de ciencia animal y alimento. Unidad de ciencia animal. Revista electrónica de arqueología. 2:71-83.
- Pereira J. A. C., Falomir-lockhart A. H., Loza A., Villegas-Castagnasso E. E., Rojas P., Carino M., Ripoli M., Giovambattista G. (2015) "COMPARACION DE FRECUENCIAS ALÉLICAS Y GENOTÍPICAS DE LOS POLIMORFISMOS CAPN1-316 Y CAPN1-4751 DEL GEN DE LA CALPAINA EN TRES POBLACIONES DE GANADO CRIOLLO BOLIVIANO" Actas Iberoamericanas de Conservación Animal 6:156-164.
- Pereira J. A. C., Giovambattista G., Peña S., Liron J. P., Loza A. J., Pozik D., Baudoin M., Bomblat C. (2015) "ANÁLISIS DE LINAJES MATERNOS Y PATERNOS DE BOVINOS CRIOLLO DEL CENTRO DE ECOLOGÍA APLICADA SIMON I. PATIÑO" Actas Iberoamericanas de Conservación Animal 6:474-484.
- Rojas J., Casas M., Martínez G. (2014) "CARACTERIZACION MORFOMETRICA Y DETERMINACIÓN DE ÍNDICES ZOOMETRICOS DE UN HATO DE GANADO CRIOLLO BLANCO OREJINEGRO(BON) PURO, EN PACHO (CUNDIMARCA)". Rev Sist Prod Agroecol. 5:2-17.