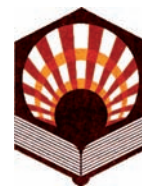


**Grupo de Investigación «Mejora y Conservación de los Recursos Genéticos de los Animales Domésticos» (AGR-218). Plan Andaluz de Investigación**



Universidad de Córdoba

**Amparo Martínez Martínez**

Laboratorio de Genética Molecular Aplicada Investigadora del Departamento de Genética Universidad de Córdoba (España)

**Juan Vicente Delgado Bermejo**

Coordinador del Grupo de Investigación Profesor Titular del Departamento de Genética Universidad de Córdoba (España)

**José Luí Vega Pla**

Laboratorio de Investigación Aplicada Servicio de Cría Caballar y Remonta. Ministerio de Defensa Córdoba (España)

# Relaciones genéticas entre poblaciones bovinas españolas y criollas

## ANTECEDENTES

El Grupo de Investigación del Programa Andaluz de Investigación denominado «Mejora y Conservación de los Recursos Genéticos de los Animales Domésticos» (AGR218) tiene como objetivo general la mejora y la conservación de las poblaciones de animales domésticos. Son dos conceptos fuertemente vinculados entre sí y que dependen del desarrollo de la población implicada. Así aspectos como el tamaño de la población, su estado de definición, el desarrollo tecnológico y formativo de sus ganaderos, entre otros hacen que una población demande medidas de mejora o de conservación.

La Red Iberoamericana sobre la Conservación de la Biodiversidad de los Animales Domésticos Locales para el Desarrollo Rural Sostenible (RED CYTED XII-H) viene funcionando desde el año 1999 de una manera activa e interrumpida. Integra 30 grupos de investigación de 14 países Iberoamericanos más 3 observadores externos (Estados Unidos, Italia y Alemania). En la actualidad la Red se está transformando en una Organización No Gubernamental Científica de ámbito Internacional aunque centrada en los recursos zoogenéticos Iberoamericanos. Este paso es necesario entre otras cosas por ser una exigencia de FAO para ser admitida como organismo consultor en su Programa Global para Conservación de los Recursos Zoogenéticos, aspecto para el que ha sido invitada.

La Federación Española de Asociaciones de Ganado Selecto (FEAGAS) es una Organización sin ánimo de lucro integrada por Organizaciones de Ganado de Raza Pura. FEAGAS ostenta la Secretaria General Permanente de la Federación Iberoamericana de Razas Criollas y Autóctonas —FIRC— así como que mantiene una estrecha relación con las Asociaciones de Ganado Criollo de distintos países iberoamericanos y, dado que, según muchos zootec-

nistas y tratadistas, el origen de gran parte del ganado criollo se encuentra en la cabaña ganadera española, es por lo que esta Federación planteó como objetivo del estudio de las relaciones genéticas existentes entre las razas autóctonas y criollas de la especie bovina en el ámbito iberoamericano.

El perfil de las tres organizaciones garantiza que se pueda llevar a cabo un trabajo de la envergadura del que aquí se aborda. Así FEAGAS encarga, con los antecedentes citados, un estudio de las relaciones genéticas entre las razas bovinas criollas y razas españolas al Grupo de Investigación AGR218, miembro líder de la Red Iberoamericana sobre la Conservación de la Biodiversidad de los Animales Domésticos Locales para el Desarrollo Rural Sostenible.

## JUSTIFICACIÓN

Los programas de conservación y mejora basados en caracteres fenotípicos han funcionado bien desde hace cientos de años basándose en la probabilidad de aparición de un determinado carácter. La utilidad principal de los marcadores moleculares es el apoyo en los sistemas de cría y mejorar la capacidad de predicción del valor genético individual.

## OBJETIVO

Determinar las relaciones genéticas entre las razas Criollas y las razas españolas basándose en la información proporcionada por marcadores genéticos moleculares.

**Tabla 1.** Poblaciones estudiadas, acrónimo, procedencia y número de animales analizados de cada población

Raza/Población	Acrónimo	Procedencia	N
Texas Longhorn	TL	USA	45
Criollo Ñeenbucú	PGY	Paraguay	36
Criollo Mexicano	MEX	México	59
Criollo Argentino	CAR	Argentina	42
Criollo Colombiano	CC	Colombia	36
Criollo Uruguayo	CUR	Uruguay	43
Berrenda en Colorado	BC	España (Península)	40
Berrenda en Negro	BN	España (Península)	32
Marismeña	MAR	España (Península)	38
Pajuna	PAJ	España (Península)	38
Retinta	RET	España (Península)	23
Negra Andaluza	NAN	España (Península)	21
Vaca Canaria	CAN	España (Islas Canarias)	44
Vaca Palmera	PAL	España (Islas Canarias)	43
Frisona	HOL	Holanda	24
Hereford	HER	Inglaterra	28

## MATERIAL Y MÉTODOS

### Muestreo

Se han recibido en el Laboratorio de Genética Molecular Aplicada del Grupo de Investigación AGR-218 de la Universidad de Córdoba (España). Las muestras relacionadas en la tabla 1.

### Tipificación de las muestras

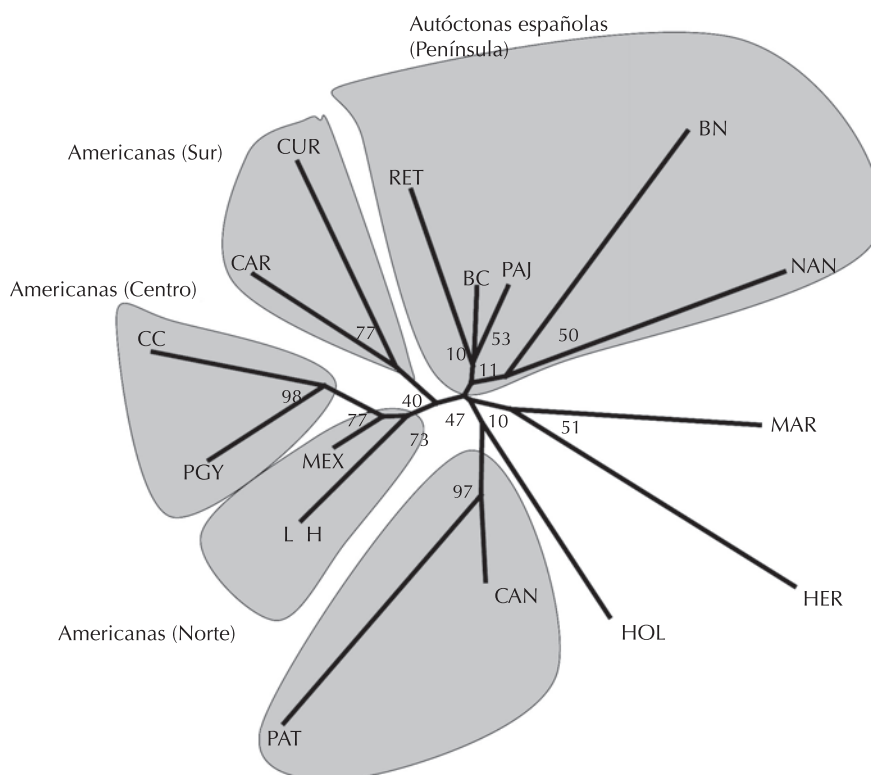
Se emplea la técnica de la reacción en cadena de la polimerasa para amplificar las secuencias microsátélites. Se someten a electroforesis en un secuenciador automático y se tipifican las variantes detectadas en cada individuo.

### Análisis estadístico

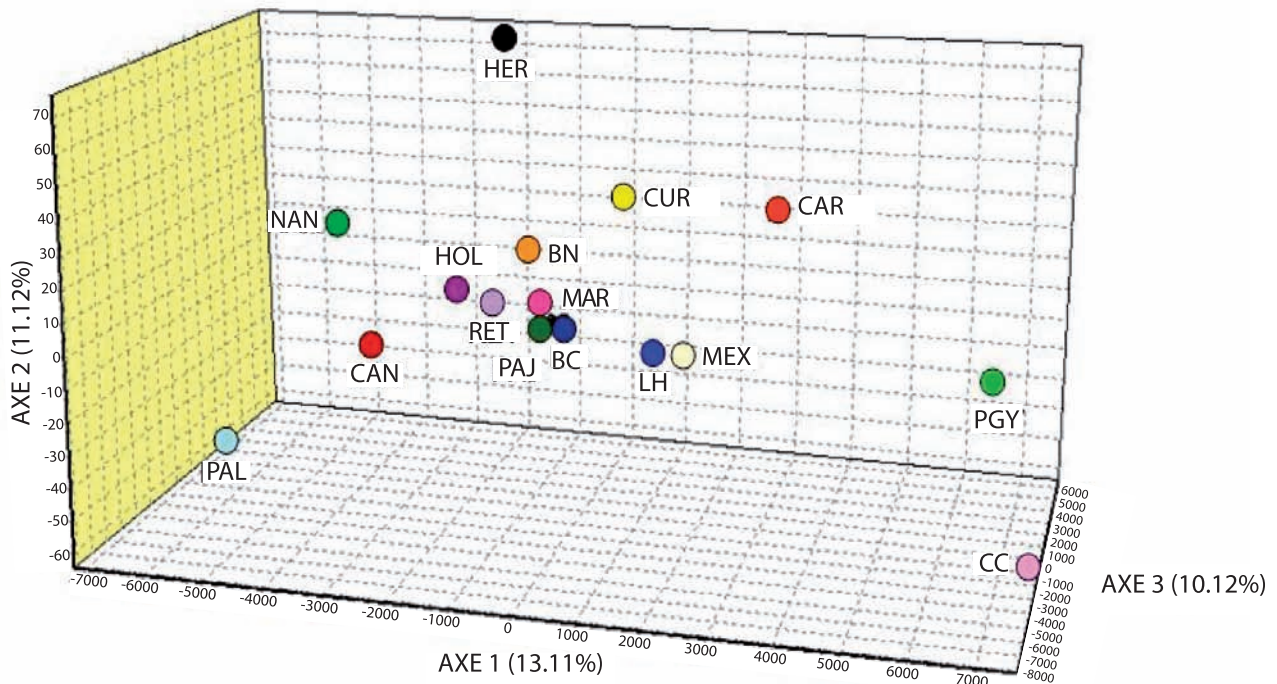
Se realizan varios tratamientos estadísticos para determinar las relaciones genéticas entre los individuos y entre las poblaciones.

## RESULTADOS

Las poblaciones se agrupan como cabría esperar en función de variables geográficas e históricas (figura 1). Es importante este análisis para comprobar que el muestreo, los marcadores seleccionados y el análisis estadístico son correctos.



**Figura 1.** Árbol de distancias genéticas entre las poblaciones según el modelo de distancia  $D_a$  de Nei (1983) y el algoritmo Neighbor-joining.



**Figura 2.** Representación gráfica de los tres primeros componentes principales (V1, V2 y V3) obtenidos mediante el análisis multivariante

Mediante el análisis factorial de correspondencia (figura 2) se puede apreciar a simple vista cuales son las poblaciones más próximas genéticamente y las más alejadas.

Los criterios de proximidad o distanciamiento de dos poblaciones como criterio de cruzamiento entre razas para la conservación o la mejora se pueden obtener fácilmente de este tipo de análisis gráfico.

## CONCLUSIONES

1. La mayor parte de las razas manifiestan un grado de homogeneidad grande. Las excepciones tan sólo ponen de manifiesto una realidad genética merecedora de estudios posteriores, caso del Criollo Mexicano y de la Berrenda en Negro.
2. En España hay una gran reserva genética que puede servir para potenciar las razas Iberoamericanas.
3. La diferenciación genética tan grande detectada impide realizar intercambio de reproductores de forma indiscriminada entre las diferentes razas criollas, sino todo lo contrario, hay que diseñar buenos programas de conservación y mejora que permitan mantener por un lado la variabilidad e identidad genética de las diferentes razas, así como diseñar cruzamientos productivos con razas autóctonas españolas que garanticen su adaptación al medio incrementando sus producciones.
4. Es muy necesario seguir estudiando con marcadores moleculares todos los recursos autóctonos españoles e iberoamericanos antes de que éstos últimos sean sometidos a programas de mejora mediante cruzamientos con razas exóticas que los pueden llevar a la extinción.



**Federación Iberoamericana  
de Razas Criollas**

**VIII CONGRESO  
DE LA FEDERACIÓN IBEROAMERICANA  
DE RAZAS CRIOLLAS Y AUTÓCTONAS**

*“La Ganadería Criolla, Riqueza Genética  
para el desarrollo sostenible  
de la Agricultura y Ganadería de Iberoamérica”*





**Universidad Austral de Chile**  
Facultad de Ciencias Agrarias

UNIVERSIDAD AUSTRAL DE CHILE  
VALDIVIA, CHILE  
5 AL 7 DE DICIEMBRE DE 2008



