



"Enseñar la Explotación de la  
Tierra No la del Hombre"

# UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO

DEPARTAMENTO DE ENSEÑANZA, INVESTIGACIÓN  
Y SERVICIO EN ZOOTECNIA  
POSGRADO EN PRODUCCIÓN ANIMAL

## INNOVACIONES GENÉTICAS Y GENÓMICAS PARA LA CARACTERIZACIÓN DE BOVINOS ROMOSINUANO EN MÉXICO

### TESIS

Que como requisito parcial  
para obtener el grado de:

**DOCTOR EN CIENCIAS EN INNOVACIÓN GANADERA**

Presenta:

**RICARDO EMMANUEL MARTÍNEZ ROCHA**

Bajo la supervisión de: RODOLFO RAMÍREZ VALVERDE, Ph.D.



**APROBADA**





Chapingo, Estado de México, junio de 2021


# INNOVACIONES GENÉTICAS Y GENÓMICAS PARA LA CARACTERIZACIÓN DE BOVINOS ROMOSINUANO EN MÉXICO


Tesis realizada por **RICARDO EMMANUEL MARTÍNEZ ROCHA** bajo la supervisión del Comité Asesor indicado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:


## DOCTOR EN CIENCIAS EN INNOVACIÓN GANADERA

DIRECTOR:   
Ph.D. RODOLFO RAMÍREZ VALVERDE

ASESOR:   
Ph.D. RAFAEL NÚÑEZ DOMÍNGUEZ

ASESOR:   
Ph.D. JOSÉ GUADALUPE GARCÍA MUÑIZ

ASESOR:   
Dr. GASPAR MANUEL PARRA BRACAMONTE

LECTOR EXTERNO:   
Dr. JOEL DOMÍNGUEZ VIVEROS

## CONTENIDO

LISTA DE CUADROS .....	iv
LISTA DE FIGURAS .....	vi
DEDICATORIAS .....	vii
AGRADECIMIENTOS .....	viii
DATOS BIOGRÁFICOS .....	ix
RESUMEN GENERAL .....	x
GENERAL ABSTRACT .....	xi
1. INTRODUCCIÓN GENERAL .....	1
2. CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LOS BOVINOS CRIOLLOS (REVISIÓN) .....	4
3. COMPORTAMIENTO DE CRECIMIENTO Y REPRODUCTIVO EN HEMBRAS BOVINAS ROMOSINUANO .....	30
4. PREVALENCE OF VARIANTS ASSOCIATED WITH GENETIC DISEASES OF ROMOSINUANO CATTLE IN MEXICO .....	40
5. DIVERSITY AND POPULATION STRUCTURE OF CRIOLLO LECHERO TROPICAL AND ROMOSINUANO CATTLE BREEDS IN MEXICO .....	52
6. POLIMORFISMOS DE GENES ASOCIADOS A CARACTERÍSTICAS DE CRECIMIENTO EN GANADO ROMOSINUANO .....	72
7. DISCUSIÓN GENERAL .....	81

⋮

## LISTA DE CUADROS

Cuadro 2.1. Mediciones zoométricas en poblaciones de ganado criollo.....	7
Cuadro 2. 2. Peso adulto promedio de algunas poblaciones bovinas criollas. ...	8
Cuadro 2.3. Parámetros derivados de la probabilidad del gen de origen en diferentes poblaciones bovinas criollas.....	9
Cuadro 2.4. Tamaño efectivo de la población ( $N_e$ ) Porcentaje de animales consanguíneos (PAC), y los coeficientes de consanguinidad del total de la población (TP) y de los animales consanguíneos (AC) en diferentes poblaciones bovinas criollas. ....	12
Cuadro 2.5. Intervalos generacionales (L, años) estimados a través de cuatro rutas gaméticas posibles en poblaciones bovinas criollas. ....	12
Cuadro 2.6. Estimadores de heredabilidades directa ( $h^2$ ) y materna ( $h_m^2$ ) en características de interés de razas bovinas criollas. ....	14
Cuadro 2.7. Frecuencias alélicas y genotípicas de marcadores genéticos en algunas razas de bovinos criollos. ....	16
Cuadro 3.1. Indicadores de crecimiento a partir de los modelos no lineales evaluados para el crecimiento de vacas de la raza Romosinuano.. ....	33
Cuadro 3.2. Parámetros (Parám) estimados para los modelos no lineales evaluados en el ganado Romosinuano .....	34
Cuadro 3.3. Pruebas de ajuste para los modelos seleccionados de curvas de crecimiento en hembras Romosinuano.....	35
Cuadro 3.4. Parámetros estimados para regresión logística múltiple en tasa de pariciones de hembras Romosinuano.....	35
Cuadro 3.5. Tasa de parición a los 550 días (TP550) y número de días al 50% de pariciones (D50P) en hembras Romosinuano .....	35
Cuadro 4.1. Economically important genetic diseases included in the SNP array used. ....	44

Cuadro 4.2. Allele and genotypic marker frequencies previously associated with genetic diseases present in the Romosinuano population .....	45
Cuadro 5.1. Observed and expected heterozygosity, inbreeding coefficient, and effective population size of Criollo Lechero Tropical (CLT) and Romosinuano cattle from Mexico.....	67
Cuadro 5.2. Pairwise $F_{ST}$ between Criollo Lechero Tropical (CLT) and Romosinuano breeds with other cattle breeds .....	68
Cuadro 6.1. Frecuencias alélicas y genotípicas para SNPs relacionados con crecimiento de ganado Romosinuano en México .....	76
Cuadro 6.2. Marcadores con efecto significativo sobre variables de peso en la raza Romosinuano en México.....	77

## LISTA DE FIGURAS

Figura 3.1. Ajuste de diferentes modelos no lineales para curvas de crecimiento en ganado Romosinuano (a) Brody, (b) Logístico, (c) Gompertz, y (d) Von Bertalanffy.....	34
Figura 3.2. Tasa de pariciones de hembras Romosinuano con partos en diferente época.....	35
Figura 3.3. Tasa de pariciones en hembras Romosinuano con diferente número de partos.....	36
Figura 5.1. Estimated effective population size trend from the last 100 generations.....	69
Figura 5.2. Principal components plot of Criollo Lechero Tropical, Mexican Romosinuano, American criollo cattle, Spain native and indicine breeds. ....	70
Figura 5.3. Proportions of genetic ancestry in Criollo Lechero Tropical, Romosinuano cattle, and reference populations.....	71

## **DEDICATORIAS**

A mis padres por ser el pilar fundamental en todo lo que soy, en toda mi educación, tanto académica, como de la vida, por su incondicional apoyo perfectamente mantenido a través del tiempo. Todo este trabajo ha sido posible gracias a ellos.

A mi novia Wendy Cruz por apoyarme, motivarme a que mis metas se estén cumpliendo. Tu ayuda ha sido fundamental en este proceso y lo será en los que están por comenzar. Muchas gracias amor.

## **AGRADECIMIENTOS**

A mi Alma Mater, la Universidad Autónoma Chapingo y especialmente al Posgrado en Producción Animal por brindarme la oportunidad de desarrollarme profesionalmente en esta etapa de mi vida.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el financiamiento otorgado para el desarrollo de mis estudios de posgrado.

Al Dr. Rodolfo Ramírez Valverde, por toda su ayuda, paciencia y tiempo que dedicó en la realización de esta tesis. Gracias por compartir su conocimiento y experiencia, por corregirme, aconsejarme y motivarme cuando fue necesario.

Al Dr. Rafael Núñez Domínguez y al Dr. José G. García Muñiz por sus consejos y apoyo brindado a través de este estudio y la realización de este manuscrito.

Al Dr. Gaspar Manuel Parra Bracamonte por la gran ayuda y conocimiento brindado en la realización de esta tesis, además del apoyo para realizar mi estancia en el Centro de Biotecnología Genómica del Instituto Politécnico Nacional.

A la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical, A. C. por facilitar los datos productivos y genealógicos para realizar esta tesis.





## DATOS BIOGRÁFICOS

### Datos personales

Nombre: Ricardo Emmanuel Martínez Rocha  
Fecha de nacimiento: 04 de junio de 1992  
Lugar de nacimiento: Ciudad Madero, Tamaulipas  
CURP: MARR920604HTSRCC08  
Profesión: Ingeniero Agrónomo Especialista en Zootecnia

Cédula profesional: 09988071

### Desarrollo académico

Licenciatura: 2010-2015 Ingeniero Agrónomo Especialista en Zootecnia, Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo

Maestría: 2016-2017 Maestro en Ciencias en Innovación Ganadera, Posgrado en Producción Animal, Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo

Doctorado: 2018-2021 Doctor en Ciencias en Innovación Ganadera, Posgrado en Producción Animal, Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México.

## RESUMEN GENERAL

### INNOVACIONES GENÉTICAS Y GENÓMICAS PARA LA CARACTERIZACIÓN DE BOVINOS ROMOSINUANO EN MÉXICO<sup>1</sup>

El objetivo de este trabajo fue contribuir a la caracterización genética de la raza bovina Romosinuano, mediante estudios utilizando diferentes herramientas estadísticas y genómicas. En un primer estudio, se analizó el crecimiento de las hembras mediante modelos no lineales mixtos, obteniendo una curva de crecimiento distintiva para la población estudiada, además de obtener el valor estimado del peso maduro (430.2 a 466.2 kg) en esta población. Estos resultados indican que el Romosinuano puede considerarse como una raza de tamaño pequeño o mediano. La edad al primer parto, intervalo entre partos y la tasa de parición también fueron estimados. Las hembras con menor tamaño maduro estimado presentaron edades más precoces que vacas más pesadas. En un segundo estudio se utilizó el genotipado, obteniéndose la prevalencia de marcadores genéticos asociados con enfermedades en la población. Marcadores para desmielinización espinal bovina, miocardiopatía dilatada bovina, sindactilia, citrulinemia, leucinosis, miocardiopatía y síndrome del pelo lanoso, deficiencia de factor VIII, lipofuscinosis neuronal ceroida,  $\alpha$ -manosidosis y bocio familiar fueron encontrados de forma polimórfica en la población; además, se identificaron animales portadores homocigotos del marcador relacionado con la sindactilia. En un tercer estudio se evaluó la frecuencia de marcadores genéticos asociados con características de crecimiento. Los bovinos Romosinuano presentaron marcadores polimórficos que pueden ser utilizados como herramienta adicional para la selección y mejoramiento genético en características de crecimiento. Finalmente, considerando también información de Criollo Lechero Tropical, se evaluó la estructura genética y la diversidad entre y dentro de estas poblaciones, comparándolas con otras razas posiblemente asociadas con sus ancestros. Aunque las razas estudiadas mostraron estar ligadas genéticamente con poblaciones ancestrales, como las españolas, otras razas criollas y algunas razas europeas y cebuinas, los bovinos Romosinuano y Criollo Lechero Tropical tienen su propia identidad y estructura genética. Se concluyó que ambas poblaciones pueden considerarse reservorios genéticos con potencial para desarrollar programas de conservación y mejoramiento.

**Palabras clave:** Bovinos criollos, recursos genéticos, caracterización genética, diversidad genética.

<sup>1</sup>Tesis de Doctorado en Ciencias en Innovación Ganadera, Posgrado en Producción Animal, Universidad Autónoma Chapingo

Autor: Ricardo Emmanuel Martínez Rocha

Director de tesis: Rodolfo Ramírez Valverde

## GENERAL ABSTRACT

### GENETIC AND GENOMIC INNOVATIONS FOR CHARACTERIZATION OF ROMOSINUANO CATTLE IN MEXICO<sup>2</sup>

The objective of the present work was to contribute to the genetic characterization of the Romosinuano cattle breed by using different statistical and genomic approaches. In a first study, the growth of female cattle was analyzed using mixed non-linear models, obtaining a distinctive growth curve for the studied population and the estimated value of the mature weight (430.2 to 466.2 kg) in this population. These results indicate that Romosinuano cattle can be considered as small or medium-sized breed. Age at first calving, calving interval, and calving rate were also estimated. The females with small estimated maturity size reached the first calving earlier than cows with high weights. In a second study, genotype data were used to obtain the prevalence of genetic markers associated with diseases in the population. Markers for bovine spinal demyelination, bovine dilated cardiomyopathy, syndactyly, citrullinemia, maple syrup urine disease, cardiomyopathy and woolly haircoat syndrome, factor VIII deficiency, neuronal ceroid lipofuscinosis 5,  $\alpha$ -mannosidosis, and familial goiter. Homozygous carriers related to syndactyly were identified. In a third study, the frequency of genetic markers associated with growth characteristics was evaluated. Romosinuano cattle presented polymorphic markers that can be used as an additional tool for selection and genetic improvement of growth traits. Finally, considering Criollo Lechero Tropical's information, the genetic structure and within and across breeds genetic diversity of these populations were assessed, and compared with other breeds possibly associated with their ancestors. Although these studied breeds were genetically linked with ancestral populations, such as Spanish breeds, other creole breeds, and some European and indicine breeds, the Romosinuano and Criollo Lechero Tropical cattle breeds have their own genetic identity and structure. It was concluded that both populations could be considered as genetic reservoirs with the potential to develop conservation and breeding programs.

**Key words:** creole bovines, genetic resources, genetic characterization, genetic diversity.

<sup>2</sup>Doctoral Thesis in Livestock Innovation, Graduate Program in Animal Production, Universidad Autónoma Chapingo  
Author: Ricardo Emmanuel Martínez Rocha  
Advisor: Rodolfo Ramírez Valverde

# 1. INTRODUCCIÓN GENERAL

El manejo genético de los recursos pecuarios es fundamental para garantizar la diversidad de las poblaciones y ha tomado gran importancia en años recientes. El reemplazo o el cruzamiento de razas localmente adaptadas con razas de alta demanda ha ocasionado que las razas locales se pierdan o el tamaño de sus poblaciones se reduzca (Meuwissen, 2009). Es importante la conservación de la diversidad en razas bovinas, ya que la concentración de la producción en un pequeño número de razas puede dar como resultado la pérdida de genes que pueden no ser relevantes en la actualidad, pero que podrían serlo en el futuro (FAO, 1998). La diversidad de los animales domésticos no se puede reemplazar, las nuevas biotecnologías pueden intentar mejorar las razas, pero no es posible reemplazar la diversidad perdida (FAO, 2000). Una estrategia global para la conservación de recursos genéticos pecuarios implica identificar y comprender que éstos son un recurso genético único en una región particular, y desarrollar el uso adecuado de la diversidad asociada (FAO, 1998).

Los bovinos se introdujeron en América durante la conquista y han evolucionado durante aproximadamente 500 años en condiciones diferentes a las de sus ancestros. Esto permitió que se originaran varias razas criollas con adaptación al medio tropical; el desarrollo en medios tropicales adversos permitió aumentar la frecuencia de genes que les permitieron adaptarse, reproducirse y producir en estos ambientes (Tewolde, 1999).

En México, con el fin de aprovechar estas características de adaptación que presentan los bovinos criollos, un grupo de ganaderos comenzó la cría de bovinos Romosinuano. En 1998, se fundó la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Criollo Lechero Tropical, A. C. (AMCROLET) (De Alba, 2011).

Para mejorar la eficiencia de los bovinos Romosinuano en México y preservar su utilización, es necesario establecer criterios para la selección de animales genéticamente superiores. Sin embargo, debido a que es una población pequeña

y con limitaciones de importación (Núñez-Domínguez, Martínez-Rocha, Hidalgo-Moreno, Ramírez-Valverde, & García-Muñiz, 2020), es necesario tener conocimientos amplios sobre su diversidad genética, así como del comportamiento productivo que presenta, para establecer un plan de manejo adecuado de este recurso genético. La implementación de programas de mejoramiento genético basados en la varianza genética aditiva de poblaciones con tamaño efectivo limitado, puede provocar cambios profundos en la estructura de la población, incrementando la pérdida de variabilidad genética, debido a incrementos en consanguinidad (Robertson, 1961). En este tipo de poblaciones, los criterios de selección deben establecerse con base en la ganancia genética acumulada y menor pérdida de diversidad a largo plazo, en lugar de respuestas a la selección en una generación (Verrier, Colleau, & Foulley, 1993).

En este sentido, el presente trabajo intenta proveer conocimiento nuevo de la población Romosinuano de México, a través del uso de herramientas genéticas y genómicas que ayuden a entender mejor sus características y proporcionar elementos para establecer programas de mejoramiento y conservación. El capítulo dos de esta tesis contiene una revisión bibliográfica sobre las investigaciones en aspectos genéticos que se han realizado en bovinos criollos de América. El capítulo tres presenta un estudio para caracterizar el crecimiento de las hembras Romosinuano a través de modelos no lineales, además de la estimación de parámetros reproductivos como edad al primer parto, intervalo entre partos y tasa de parición. En el capítulo cuatro se reportan las frecuencias alélicas y genotípicas de marcadores asociados con enfermedades genéticas en la población de bovinos Romosinuano mexicanos. En el capítulo cinco se presenta un estudio de diversidad y estructura genética de las poblaciones Romosinuano y Criollo Lechero Tropical, realizado a través del uso de marcadores genéticos SNP. Finalmente, en el capítulo seis se presentan las frecuencias alélicas y genotípicas de marcadores SNP asociados con características de crecimiento, así como su efecto en una muestra de la población de bovinos Romosinuano estudiada.

## Literatura citada

- De Alba, M. J. (2011). *El Libro de los Bovinos Criollos de América*. Distrito Federal, México: Biblioteca Básica de Agricultura (BBA).
- FAO. (1998). *Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk*. FAO, Rome, Italy. 210 p.
- FAO. (2000). *World watch list for domestic animal diversity*. Edited by: Scherf, B. D., Rome, Italy. 726 p.
- Meuwissen, T. (2009). Genetic management of small populations: A review. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science*, 59, 71-79.
- Núñez-Domínguez, R., Martínez-Rocha, R. E., Hidalgo-Moreno, J. A., Ramírez-Valverde, R., & García-Muñiz, J. G. (2020). Evaluation of the Romosinuano cattle population structure in Mexico using pedigree analysis. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 33(1), 44-59.
- Robertson, A. (1961). Inbreeding in artificial selection programmes. *Genetics Research*, 2(2), 189-194.
- Tewolde, A. (1999). *Los Criollos bovinos y los sistemas de producción animal en los trópicos de América Latina*. Criollos en sistemas productivos latinoamericanos Razas Bovinas creadas en Latinoamérica y el Caribe. Facultad de Agronomía. Universidad Autónoma de Tamaulipas. México.
- Verrier, E., Colleau, J. J., & Foulley, J. L. (1993). Long-term effects of selection based on the animal model BLUP in a finite population. *Theoretical and Applied Genetics*, 87(4), 446-454.

## **2. CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LOS BOVINOS CRIOLLOS (REVISIÓN)**

### **2.1 Introducción**

La diversidad genética se ha definido como la variedad de alelos y genotipos presentes en una población, y esto se refleja en diferencias morfológicas, fisiológicas y de comportamiento entre individuos y poblaciones (Frankham, Ballou, & Briscoe, 2002). A nivel mundial, diversos factores como la cruce indiscriminada o el reemplazo con razas comerciales, han hecho que la diversidad para razas de especies domésticas esté disminuyendo (FAO, 1998). A medida que las razas de alto rendimiento se seleccionaron intensivamente, la brecha entre el rendimiento de razas locales y razas de alto rendimiento aumentó para las características económicamente importantes. Esto ha ocasionado que se reduzcan los tamaños de población en muchas razas locales (FAO, 2000).

Es importante la conservación de la diversidad en razas bovinas, ya que la concentración de la producción en un pequeño número de razas puede dar como resultado la pérdida de genes que pueden no ser relevantes en la actualidad, pero que podrían serlo en el futuro (FAO, 1998). En poblaciones de razas comerciales puede haber nucleótidos polimórficos fijados o ya en estado monomórfico, y en razas locales pueden encontrarse alelos alternos. En tales polimorfismos genómicos de las razas locales, no deben permitirse el lujo de perderse dado su carácter distintivo y el valor que potencialmente representan como un recurso genético para la selección alternativa, en caso de que cambie el entorno de producción (Kristensen, Hoffmann, Pertoldi, & Stronen, 2015). Además, con la conservación adecuada de estas razas, se pueden identificar aquellas más cercanas en términos evolutivos a ciertas poblaciones ancestrales, y como resultado se pueden recuperar genes que se han perdido en las razas más especializadas y estandarizadas (FAO, 1998).

Los bovinos criollos son animales descendientes del ganado que llegó durante la colonización de América (Ajmone-Marsan, Garcia, & Lenstra, 2010; Martínez et

al., 2012). Las razas criollas probablemente han fijado o cambiado alelos en frecuencias distintas a las razas transfronterizas, debido a la adaptación y a la selección de animales con mejor comportamiento en estas condiciones, por selección natural y de parte de los criadores (Núñez-Domínguez, Ramírez-Valverde, Saavedra-Jiménez, & García-Muñiz, 2016).

Al igual que las razas autóctonas, las criollas son recursos genéticos importantes para la conservación de la diversidad en especies domésticas. Meuwissen (2009) mencionó que la conservación de las razas locales es más efectiva al hacer que las razas sean rentables. Las razas de bovinos criollos han sido objeto de diversos estudios, tanto para evaluar la diversidad genética entre ellas, como la variabilidad genética que presentan, con el fin de realizar mejoramiento en características de interés. Esta revisión de literatura ofrece una descripción general de los esfuerzos documentados para caracterizar, conservar y desarrollar programas de selección en recursos genéticos de ganado bovino criollo.

## **2.2 Caracterización fenotípica**

La FAO (2000) define al término raza como “un grupo subespecífico de ganado doméstico con características externas definibles e identificables que le permiten ser separado por evaluación visual de otros grupos definidos de manera similar dentro de la misma especie, o un grupo para el cual la separación geográfica y/o cultural de grupos fenotípicamente similares, ha llevado a la aceptación de su identidad separada”. Por lo anterior, los animales de una raza deben compartir características fenotípicas bien definidas entre ellos y deben ser heredables a su descendencia.

La conservación de los recursos genéticos es un conjunto de acciones que se toman con el fin de proteger el patrimonio genético, con énfasis en aquellos que se encuentran en constante amenaza (Arandas, da Silva, Nascimento, Pimenta, Albuquerque, & Ribeiro, 2017). La diversidad de los animales domésticos no se puede reemplazar, las nuevas biotecnologías pueden intentar mejorar las razas, pero no es posible reemplazar la diversidad perdida (FAO, 2000). Una estrategia



global para la conservación de recursos genéticos pecuarios implica identificar y comprender que es un recurso genético único en una región particular, y desarrollar el uso adecuado de la diversidad asociada (FAO, 1998).

La caracterización fenotípica de características importantes en animales puede ayudar a establecer procesos de selección con base en sus formas y dimensiones que permitan mantener su condición de raza, muchas veces afectada por cruces indiscriminados con razas exóticas. El estudio de los caracteres fenotípicos es la base para la diferenciación de razas y brinda apoyo a los programas de conservación, además de ser una técnica utilizada para caracterizar los recursos genéticos en muchos países (Yakubu, Idahor, Haruna, Wheto, & Amusan, 2010). La FAO (2012) considera como prioritario realizar estudios de caracterización racial como primera fase en la implantación de esquemas de desarrollo ganadero que permita la sustentabilidad de los sistemas tradicionales de producción.

Dada la importancia que ha tomado conservar razas criollas, que son las derivadas de las especies domésticas llegadas en la época de la conquista, se han realizado diversos estudios de caracterización en bovinos criollos. En poblaciones de razas bovinas criollas se han realizado estudios de mediciones zoométricas para la caracterización de estos animales (Cuadro 1). En general, las razas bovinas son de talla pequeña a mediana en comparación con razas como la Holstein (Reed et al., 2017) o la Suizo Europeo (Akinsola, Jirgi, Ogundeji, Shuaib, Ismail, & Ugwu, 2018).

El peso maduro de algunas poblaciones de bovinos criollos se presenta en el Cuadro 2. La evaluación del crecimiento de los animales es una práctica importante para mejorar la rentabilidad y la eficiencia en la producción de carne. La mayoría de los bovinos criollos han evolucionado en condiciones climáticas donde el consumo de alimento es limitado. Esta característica, en razas criollas y nativas, sugiere que son animales de menores requerimientos nutricionales comparado con razas de tallas más grandes, lo que podría representar también ventajas en características reproductivas para sistemas de producción con

restricciones alimenticias (Chin-Colli, Estrada-León, Monforte, Correa, & Nuñez-Domínguez, 2016; Villaseñor-González et al., 2017).

Cuadro 1. Mediciones zoométricas<sup>z</sup> (cm) en poblaciones de bovinos criollos.

Raza/ Biotipo <sup>y</sup>	PT	Lcor	AC	LC	LO	Lcu	LG	Fuente
Surinam	160	136	118	52	22	29	-	San y Molina-Flores (2016)
Chinampo	136	117	109	-	-	27	37	Espinoza et al. (2009)
PNH	152	135	115	44	-	-	44	Delgado et al. (2019)
Casanare	152	128	115	50	-	-	40	Salamanca et al. (2014)
Mixteco	134	-	103	-	-	30	37	Palacios et al. (2002)
CMC	161	138	123	-	19	29	-	Garza y Figueroa (2019)
CP	149	125	116	43	-	-	-	De Escobar (2014)
Nunkini	150	125	113	44	-	-	42	Lopez (2019)
CLT	171	146	125	46	-	-	32	Canales (2014)
CL	172	147	123	51	16	37	-	Vela y Plasse (2020)

<sup>z</sup> PT = perímetro torácico; Lcor = largo del cuerpo; AC = altura a la cruz; LC = largo de la cara; LO = largo de las orejas; Lcu = largo de los cuernos; LG = largo de la grupa.

<sup>y</sup> PNH = Criollo del Parque Nacional Huascarán-Ancash; CMC = Criollo de las Montañas de Chiapas; CP = Criollo de Panamá; CLT = Criollo Lechero Tropical; CL = Criollo Limonero.

### 2.3 Estructura de la población basado en análisis de pedigrí

Aunque muchos de los bovinos criollos ya han sido reconocidos como razas y existen asociaciones de criadores que llevan registros, algunas no han sido caracterizadas genéticamente. Con la disminución de la diversidad genética, la importancia de caracterizar razas aumenta, ya que eso puede ayudar en la identificación y conservación de la valiosa diversidad genética (Asbjarnardottir, Kristjansson, Jonsson, & Hallsson, 2010). Los estudios de variabilidad genética dentro de poblaciones se han realizado comúnmente utilizando análisis de pedigrí o marcadores genéticos. El análisis de pedigrí es una herramienta importante para describir la variabilidad genética y su evolución a lo largo de generaciones (Gutiérrez, Altarriba, Díaz, Quintanilla, Cañón, & Piedrafita, 2003).

Los esquemas de selección en los bovinos criollos deben considerar aspectos del grado de diversidad dentro de las razas. El uso del modelo animal en poblaciones de tamaño efectivo limitado conduce a cambios profundos en la estructura de la población (Verrier, Colleau, & Foulley, 1993). La información

sobre la diversidad genética de las razas criollas es fundamental para el establecimiento de programas de conservación y manejo sostenible, y con esto prevenir la extinción o erosión genética de estas razas (Delgado et al., 2012).

Cuadro 2. Peso adulto promedio (kg) de algunas poblaciones bovinas criollas.

Raza/biotipo	País	Sexo	Peso maduro	Fuente
Chaqueño	Argentina	♀	426	FAO (2000)
		♂	690	
Chaqueño	Bolivia	♀	328	Marquardt et al. (2018)
Saavedreño	Bolivia	♀	426	FAO (2000)
		♂	730	
Yacumeño	Bolivia	♀	400	FAO (2000)
		♂	600	
Curraleiro	Brasil	♀	228	FAO (2000)
		♂	337	
Lageano	Brasil	♀	429	FAO (2000)
Lavinia	Brasil	♀	600	FAO (2000)
		♂	800	
Costeño con Cuernos	Colombia	♀	415	Ossa et al. (2011)
		♂	611	
San Martinero	Colombia	♀	450	Martínez y Henao (2000)
		♂	650	
Chino Santardereano	Colombia	♀	450	FAO (2000)
		♂	650	
Santa Elena	Ecuador	♀	395	Cabezas et al. (2019)
		♂	569	
Barroso	Guatemala	♀	475	FAO (2000)
		♂	800	
Raramuri	México	♀	366	McIntosh et al. (2020)
Romosinuano	México	♀	466	Martínez-Rocha et al. (2021)
Mixteco	México	♀♂	283	Perezgrovas-Garza (2017)
Nunkini	México	♀	257	López (2019)
Lechero Tropical	México	♀	391	Canales (2014)
				Espinoza et al. (2009)
Chinampo	México	♀	255	Espinoza et al. (2009)
Surinam	Surinam	♀	323	San y Molina-Flores (2016)
Criollo Limonero	Venezuela	♀	341	Vela y Plasse (2020)

En algunas poblaciones de razas bovinas criollas se ha calculado la probabilidad del gen de origen, a través de varios indicadores o parámetros (Cuadro 3). Con estos indicadores se puede valorar la contribución genética de los fundadores (ancestros con padres desconocidos) en la población actual, y así evaluar la cantidad y el tipo de pérdida de diversidad genética en las poblaciones (Gutiérrez et al., 2003). Los parámetros principales han sido: el número de fundadores ( $f$ ), el número efectivo de fundadores ( $f_e$ ), el número efectivo de ancestros ( $f_a$ ), y el número de fundadores que representan el 50% de los genes de la población ( $f_{50}$ ).

Cuadro 3. Parámetros<sup>z</sup> derivados de la probabilidad del gen de origen en diferentes poblaciones bovinas criollas.

Raza	$N$	$f$	$f_e$	$f_a$	$f_{50}$	Fuente
Costeño con Cuernos	2339	220	50	33	12	
San Martinero	3610	435	92	49	22	Martínez et al. (2008)
Blanco Orejinegro	1625	180	89	58	22	
Romosinuano	4844	583	67	23	8	
Criollo Limonero	3184	386	38	18	-	Villasmil-Ontiveros et al. (2008)
Criollo Lechero Tropical	3427	890	111	72	-	Rosendo et al. (2018)
Romosinuano	1518	184	50	25	9	Núñez-Domínguez et al. (2020)

<sup>z</sup> $f$  = número de fundadores;  $f_e$  = número efectivo de fundadores;  $f_a$  = número efectivo de ancestros;  $f_{50}$  = número de fundadores que explican el 50 % de los genes.

Lacy (1989) definió el  $f_e$  de una población, como el número de fundadores que contribuyen de igual manera en la población estudiada y que producirían la misma diversidad genética en cada generación descendiente. El  $f_e$  se calcula como:

$$f_e = 1 / \sum_{i=1}^a p_i^2$$

En donde,  $p_i$  es la proporción de los genes en la población descendiente contribuida por el fundador  $i$ .

El  $f_a$  es el número mínimo de ancestros (fundadores o no) necesarios para explicar la diversidad genética completa de la población (Boichard et al., 1997), y se obtiene como:

$$f_a = 1 / \sum_{k=1}^a p_k^2$$

donde,  $p_k$  es la contribución marginal del  $k$ -ésimo ancestro (contribución genética aún no explicada por otro ancestro elegido antes), y  $a$  es el número de ancestros influyentes (es decir, ancestros con contribuciones marginales distintas de cero). Con base en las contribuciones marginales, se obtiene el número de ancestros que explican el 50% de los genes en la población.

Existen diferencias entre los valores de los parámetros obtenidos para cada población. Para comparar entre poblaciones y observar la pérdida de variabilidad genética se utilizan las proporciones entre parámetros. En general, los valores de  $f_e/f$  han variado desde 0.10 hasta 0.5, indicando que parte de la variabilidad genética de los fundadores es perdida debido a contribuciones genéticas desequilibradas (Lacy, 1989). Las diferencias entre  $f_e$  y  $f_a$  indican la existencia de pérdida de diversidad genética, debido a un cuello de botella genético en la población (Boichard et al., 1997). La existencia de cuellos de botella puede notarse en los valores de  $f_{50}$ , donde se muestra que la poca variabilidad encontrada en la población de referencia es causada por un uso excesivo de pocos animales en los apareamientos (Gutiérrez et al., 2003).

Los parámetros de coeficiente de consanguinidad ( $F$ ) y tamaño efectivo de la población ( $N_e$ ) son de los más utilizados para evaluar la variabilidad genética dentro de una población. El  $F$  de un individuo es la probabilidad de tener dos genes idénticos por descendencia (Wright, 1922). El  $N_e$  es un parámetro que resume la magnitud de la deriva genética y el incremento de consanguinidad en una población (Wang & Caballero, 1999). La depresión endogámica es el efecto opuesto de heterosis, que es una ventaja obtenida por el cruzamiento de razas.

La depresión endogámica se presenta como la disminución en el comportamiento fenotípico de características productivas y reproductivas (Falconer y Mackay, 1996) y es uno de los efectos más relevantes de la reducción de diversidad

genética en una población (Santana et al., 2011). El  $F$  es un valor relativo que depende en gran medida del nivel de completitud del pedigrí (Martínez et al., 2003). Mientras el pedigrí de las poblaciones contenga mayor información de generaciones previas, el valor de  $F$  será más preciso. Las poblaciones de bovinos criollos que han sido evaluadas han tenido valores de  $F$  mayores que cero (Cuadro 4). Las poblaciones de bovinos Romosinuano, tanto colombiana como mexicana, son las que presentan mayores porcentajes de animales consanguíneos y valores mayores de consanguinidad tanto, en el total de la población como en únicamente los animales consanguíneos. Aun siendo los mayores valores, los autores mencionan que se consideran distantes de ser un riesgo en la población (Martínez et al., 2008; Núñez-Domínguez et al., 2020). En algunas de esas poblaciones, esto pudo deberse a los tamaños reducidos de población utilizados en los estudios.

Según la FAO (1998), es deseable tener un  $N_e$  mínimo de 50 para preservar poblaciones pequeñas, lo que equivale a una tasa de consanguinidad del 1% por generación. Los bovinos Romosinuano, Criollo Limonero y San Martinero han mostrado valores debajo de ese valor indicado (Martínez, García, Gallego, Onofre, Pérez, & Cañón, 2008; Núñez-Domínguez, Martínez-Rocha, Hidalgo-Moreno, Ramírez-Valverde, & García-Muñiz, 2020; Villasmil-Ontiveros et al., 2008). En general, los valores de  $N_e$  dependen de ciertas condiciones de manejo reproductivo en las poblaciones. En las poblaciones criollas, la reproducción en hatos cerrados, sin intercambio de animales y el bajo uso de diferentes animales reproductores origina menores valores de  $N_e$  (Cuadro 4). Estas poblaciones deben establecer esquemas reproductivos considerando que un bajo número de animales reproductores puede originar problemas de endogamia (Caballero, 1994). Por ejemplo, los bovinos Romosinuano en México tienen la particularidad de ser una población aislada, debido a restricciones sanitarias del país (Núñez-Domínguez et al., 2020), por lo que no se podría importar animales de Colombia, de donde es originaria la raza y se encuentra un mayor número de bovinos de esta raza. Esta peculiaridad originaría que se incrementaran los niveles de

consanguinidad si no se utilizara el máximo número de animales en la población de este país como reproductores (Caballero, 1994; Nomura, 2005).

Cuadro 4. Tamaño efectivo de la población ( $N_e$ ), porcentaje de animales consanguíneos (PAC), y los coeficientes de consanguinidad (%) del total de la población (TP) y de los animales consanguíneos (AC) en diferentes poblaciones bovinas criollas.

Raza	$N_e$	PAC	TP	AC	Fuente
Costeño con Cuernos	143	24.6	1.3	3.2	Martínez et al. (2008)
San Martinero	27	29.2	1.4	3.0	
Blanco Orejinegro	260	5.8	0.5	3.0	
Romosinuano	66	30.8	3.1	4.0	
Criollo Limonero	45	5.6	-	-	Villasmil-Ontiveros et al. (2008)
Romosinuano	48	65.8	2.6	3.8	Núñez-Domínguez et al. (2020)

El intervalo generacional puede calcularse por cuatro rutas gaméticas: padre-hijo, padre-hija, madre-hijo y madre-hija. Este parámetro puede usarse para calcular la tasa de consanguinidad por generación, lo que permite traducir incrementos en otros parámetros estimados por generación, en estimaciones por unidad de tiempo (Carolino & Gama, 2007; Cervantes, Goyache, Molina, Valera, & Gutiérrez, 2008). En el Cuadro 5 se muestran valores de intervalos entre generaciones en razas bovinas criollas. El menor valor se ha reportado en la raza Blanco Orejinegro (Martínez et al., 2008), mientras que el mayor valor en Criollo Lechero Tropical (Rosendo-Ponce, Palacios-Jiménez, Rosales-Martínez, Torres-Hernández, Ramírez-Valverde, & Becerril-Pérez, 2018).

Cuadro 5. Intervalos generacionales ( $L$ , años)<sup>2</sup> estimados a través de cuatro rutas gaméticas posibles en poblaciones bovinas criollas.

Raza	$L_{mm}$	$L_{mf}$	$L_{fm}$	$L_{ff}$	L medio	Fuente
Costeño con Cuernos	3.8	4.3	6.8	6.5	5.4	Martínez et al. (2008)
San Martinero	7.3	6.4	7.2	6.9	6.8	
Blanco Orejinegro	3.7	3.9	5.4	5.5	4.7	
Romosinuano	4.9	5.4	5.9	6.2	5.7	
Criollo Limonero	-	-	-	-	5.8	Villasmil-Ontiveros et al. (2008)
Romosinuano	8.0	6.4	6.4	6.4	6.6	Núñez-Domínguez et al. (2020)
Criollo Lechero Tropical	7.2	6.3	7.4	7.0	6.8	Rosendo et al. (2018)

<sup>2</sup> $L_{mm}$  = ruta padre-hijo;  $L_{mf}$  = ruta padre-hija;  $L_{fm}$  = ruta madre-hijo;  $L_{ff}$  = ruta madre-hija.

## 2.4 Parámetros genéticos y selección

La estimación de los componentes de varianza en las evaluaciones genéticas permite estimar el parámetro denominado heredabilidad en una población. La heredabilidad directa ( $h^2$ ) de una característica es uno de los parámetros más importantes en los programas de selección de animales. La  $h^2$  se define como la proporción de la varianza fenotípica total explicada por la varianza genética aditiva. La heredabilidad materna ( $h_m^2$ ) se expresa como la proporción de la varianza fenotípica debida a la varianza genética aditiva materna. Los valores estimados de  $h_m^2$  dan una idea de qué tanto influye la madre del animal en la expresión de cierta característica en sus crías (Meyer, 1992).

Diversos estudios han reportado estimadores de heredabilidad para varias poblaciones de razas bovinas criollas (Cuadro 6). La mayoría de estos estudios se han enfocado en estimaciones de parámetros genéticos para características de crecimiento a partir del pesaje de los animales a diferentes edades. Los valores de  $h^2$  han variado de 0.15 a 0.38 y de 0.14 a 0.34, para los pesos al nacimiento y al destete, respectivamente; y los valores de  $h_m^2$  en los pesos respectivos han variado desde 0.01 y 0.04 hasta 0.08 y 0.19. Los componentes de varianza (así como los parámetros derivados de ellos, como  $h^2$ ) son función de las frecuencias génicas y pueden diferir de una población a otra debido a sus razones históricas (Falconer & Mackay, 1996). Las variaciones en las estimaciones de  $h^2$  también se deben a las diferencias de los modelos utilizados y efectos considerados.

La adopción de estrategias de selección utilizadas en sistemas convencionales de producción basados en razas criollas no siempre es apropiada. La definición clara del objetivo de mejoramiento es algo que requieren los criadores e investigadores dedicados a la cría de animales criollos y autóctonos (Ndumu et al., 2008). Un objetivo de selección define la dirección en la que el criador pretende llegar para satisfacer la demanda de productos y servicios específicos del animal (Sölkner et al., 2008).



Cuadro 6. Estimadores de heredabilidades directa ( $h^2$ ) y materna ( $h_m^2$ ) en características de interés de razas bovinas criollas.

Raza	País	$h^2$	$h_m^2$	Modelo <sup>z</sup>	Carac <sup>y</sup>	Fuente
Blanco	Colombia	0.38	0.03	DMCP	PN	Martínez et al. (2009b)
Orejinegro	Colombia	0.18	0.05	DMCP	PD	
Ramosinuano	Colombia	0.25	0.06	DMCP	PN	Martínez y Pérez (2006)
	Colombia	0.34	0.19	DMCP	PD	
Ramosinuano	Colombia	0.17	0.08	DM	PN	Ossa et al. (2014)
	Colombia	0.14	0.12	DM	PD	
	Colombia	0.13		D	P16	
Ramosinuano	México	0.19		DI	PN	Martínez-Rocha et al. (2018)
	México	0.21	0.04	DMI	PD	
Costeño con Cuernos	Colombia	0.17	0.01	DMCP	PN	Martínez et al. (2006a)
	Colombia	0.21	0.05	DMCP	PD	
Costeño con Cuernos	Colombia	0.28	0.08	DMCP	PN	Ossa et al. (2008)
	Colombia	0.28	0.13	DMCP	PD	
San Martinero	Colombia	0.15	0.05	DMP	PN	Martínez et al. (2009a)
	Colombia	0.32	0.11	DMP	PD	
San Martinero	Colombia	0.26		S	PN	Martínez-Villate et al. (2009)
	Colombia	0.14		S	PD	
Criollo Limonero	Venezuela	0.17	0.03	DMC	PN	Contreras et al. (2007)
Blanco Orejinegro	Colombia	0.15		DP	EPP	M-Rocha et al. (2012)
	Colombia	0.13		DP	IEP	
Lucerna	Colombia	0.23	0.06	D	PL305	Martínez et al., (2019).
Criollo Lechero Tropical	México	0.24		Leg	PL305	
Ramosinuano	Colombia	0.16		DP	EPP	Ossa et al. (2007)
	Colombia	0.05		DP	IEP	

<sup>z</sup> D = efectos genéticos aditivos directos; M = efectos genéticos aditivos maternos; C = covarianza entre los efectos genéticos aditivos y maternos; I = Interacción Semental por grupo contemporáneo; S = modelo de semental.

<sup>y</sup> CARAC = característica; PN = peso al nacimiento; PD = peso al destete; P16 = peso ajustado a los 16 meses de edad.

En los sistemas convencionales se tienen objetivos de selección a menudo orientados directamente a valores económicos, mientras que en los sistemas con razas locales, debido a que el animal tiene múltiples funciones, la determinación

de los objetivos de selección puede ser más compleja (Ouédraogo et al., 2020). Las características sobresalientes de los bovinos criollos están relacionadas con la adaptación a ambientes adversos; sin embargo, la medición de tales características es más difícil. Las herramientas genómicas pueden ser de gran apoyo en estrategias de selección para animales criollos.

## **2.5 Marcadores genéticos asociados con características de interés**

La selección asistida por marcadores es una herramienta de apoyo en los sistemas tradicionales de selección, que puede ayudar a la mejora en la precisión de la estimación del valor genético de los reproductores y seleccionar animales superiores de interés para el productor (Dekkers, 2004). A la fecha se han realizado una gran cantidad de exploraciones del genoma y se han detectado loci de características cuantitativas que afectan importantes rasgos de producción, salud, y calidad de la canal en bovinos (Hu, Park, & Reecy, 2019). En bovinos lecheros, el mayor interés se ha dirigido a la detección de QTLs para las características de producción de leche (rendimiento de leche, y rendimiento y porcentaje de proteína y grasa). En bovinos para carne se han realizado estudios de asociaciones entre polimorfismos de genes y características de crecimiento del animal y calidad de la carne (Casas et al., 2006).

Los bovinos criollos han sido objeto de estudio en diversos trabajos en donde se trata de caracterizar a las razas, obteniendo las frecuencias alélicas y genotípicas de marcadores genéticos asociados con características de interés (Cuadro 7). En razas criollas utilizadas en sistemas de producción lechero como la Criollo Limonero (Aranguren et al., 2011; Rojas, Aranguren-Méndez, Portillo, Villasmil-Ontiveros, Rincón, & Contreras, 2010) y la Criollo Lechero Tropical (Becerril-Pérez et al., 2020) se han obtenido las frecuencias de marcadores asociados con proteínas de la leche. Para los marcadores asociados con características de la leche se han reportado frecuencias de homocigotos con el alelo favorable en esas poblaciones.

Cuadro 7. Frecuencias alélicas y genotípicas de marcadores genéticos en algunas razas de bovinos criollos.

Raza <sup>z</sup>	Tipo <sup>y</sup>	Marcador	A <sup>x</sup>	B <sup>w</sup>	AA	AB	BB	SA <sup>v</sup>	Fuente
BON	SSCP	CAPN1-316	0.45	0.55	0.11	0.68	0.21	<b>C/G</b>	Cuetia et al., 2012
BON	SSCP	CAST-2959	0.83	0.17	0.72	0.21	0.07	<b>A/G</b>	Cuetia et al., 2012
BON	SSCP	LEP	0.52	0.48	0.07	0.90	0.03	<b>C/T</b>	Cuetia et al., 2012
BON	SNP	Nramp1	0.17	0.83	0.03	0.27	0.70		Cerquera et al., 2009
BON-Z	SNP	SLc11a1	0.26	0.74	0.11	0.30	0.59		Martínez et al., 2010
BON-Z	SNP	SLc11a1	0.15	0.85	0.09	0.12	0.77		Martínez et al., 2010
BCP	RFLP	K-CN	0.55	0.45	0.27	0.56	0.17		Almeyda et al., 2016
CQÑ	SSCP	CAPN1-316	0.10	0.90	0.04	0.15	0.81	<b>C/G</b>	Cuetia et al., 2012
CQÑ	SSCP	CAST-2959	0.52	0.48	0.27	0.50	0.23	<b>A/G</b>	Cuetia et al., 2012
CQÑ	SSCP	LEP	0.45	0.55	0.07	0.77	0.17	<b>C/T</b>	Cuetia et al., 2012
CAS	SSCP	CAPN1-316	0.10	0.90	0.00	0.21	0.79	<b>C/G</b>	Cuetia et al., 2012
CAS	SSCP	CAST-2959	0.48	0.52	0.03	0.90	0.07	<b>A/G</b>	Cuetia et al., 2012
CAS	SSCP	LEP	0.52	0.48	0.03	0.97	0.00	<b>C/T</b>	Cuetia et al., 2012
CHAQ	SNP	CAPN1- 316	0.23	0.77	0.05	0.36	0.59	<b>C/G</b>	Pereira et al., 2015
CHAQ	SNP	CAPN1-4751	0.75	0.25	0.56	0.38	0.06	<b>C/T</b>	Pereira et al., 2015
CHAQ	SSCP	DGAT1	0.65	0.35	0.41	0.48	0.11		Ripoli et al., 2006
CHS	SSCP	CAPN1-316	0.20	0.80	0.00	0.32	0.68	<b>C/G</b>	Cuetia et al., 2012
CHS	SSCP	CAST-2959	0.55	0.45	0.27	0.37	0.37	<b>A/G</b>	Cuetia et al., 2012
CHS	SSCP	LEP	0.50	0.50	0.03	0.93	0.03	<b>C/T</b>	Cuetia et al., 2012
CCC	SSCP	CAPN1-316	0.34	0.66	0.14	0.41	0.45	<b>C/G</b>	Cuetia et al., 2012
CCC	SSCP	CAST-2959	0.93	0.07	0.90	0.07	0.03	<b>A/G</b>	Cuetia et al., 2012
CCC	SSCP	LEP	0.48	0.52	0.00	0.97	0.03	<b>C/T</b>	Cuetia et al., 2012
CAR	SSCP	DGAT1	0.57	0.43	0.32	0.51	0.17		Ripoli et al., 2006
CCHI	RFLP	LEP	1.00	0.00	1.00	0.00	0.00		Rasor et al., 2002
CVG	SSCP	DGAT1	0.50	0.50	0.24	0.52	0.24		Ripoli et al., 2006
CLT	RFLP	K-CN	0.39	0.61	0.09	0.60	0.31		Becerril-Pérez et al., 2020
CL	RFLP	β-Ig	0.22	0.78	0.07	0.29	0.64		Rojas et al., 2010
CL	RFLP	CAST	0.85	0.15	0.84	0.03	0.13		Aranguren et al., 2011
CL	ARMS	CAPN1-316	0.12	0.88	0.06	0.94	0.00	<b>C/G</b>	Torres-Rodríguez et al., 2015
CL	ARMS	CAPN1-4751	0.65	0.19	0.49	0.51	0.16	<b>C/T</b>	Torres-Rodríguez et al., 2015

<sup>z</sup> BON = Blanco Orejinegro; BON-Z = Cruza Blanco Orejinegro-Cebú; BCP = Bovino Criollo de Perú; CQÑ = Caqueteño; CAS = Casanareño; CHAQ = Chaqueño CHS = Chino Santandereano; CCC = Costeño con Cuernos; CAR = Criollo Argentino; CCHI = Criollo de Chihuahua; CVG = Criollo de Valle Grande; CLT = Criollo Lechero Tropical; CL = Criollo Limonero; CRU = Criollo Reserva Uruguay; CRU = Criollo Rivera Uruguay; HV = Hartón del Valle; LUC = Lucerna; ROM = Romosinuano; SVO = Saavedreño; SM = San Martinero; CRU = Criollo Uruguay; YAC = Yacumeño.

<sup>y</sup> Tipo de marcador genético: SSCP = polimorfismo de conformación de cadena simple; SNP = polimorfismo de nucleótido simple; RFLP = fragmentos de restricción de longitud polimórfica.

<sup>x</sup> A = alelo de referencia.

<sup>w</sup> B = alelo alterno.

<sup>v</sup> SA = sustitución alélica; letras en negritas indican el alelo favorable.

Cuadro 7. Continuación...

Raza <sup>z</sup>	Tipo <sup>y</sup>	Marcador	A <sup>x</sup>	B <sup>w</sup>	AA	AB	BB	SA <sup>v</sup>	Fuente
CL	ARMS	CAST-2959	0.32	0.15	0.69	0.31	0.53	<b>A/G</b>	Torres-Rodríguez et al., 2015
CRU	RFLP	CAST	0.81	0.19	0.69	0.25	0.06		De Soto et al., 2010
CRI	RFLP	CAST	0.70	0.31	0.45	0.48	0.06		De Soto et al., 2010
HV	SSCP	CAPN1-316	0.27	0.73	0.04	0.46	0.50	<b>C/G</b>	Cuetia et al., 2012
HV	SNP	CAPN1-316	0.78	0.22	0.64	0.28	0.08	<b>C/G</b>	Lenis et al., 2018
HV	SNP	CAPN-4751	0.48	0.52	0.02	0.94	0.05	<b>C/T</b>	Lenis et al., 2018
HV	SNP	CAST-1	0.48	0.53	0.13	0.68	0.18	<b>C/T</b>	Lenis et al., 2018
HV	SSCP	CAST-2959	0.70	0.30	0.50	0.40	0.10	<b>A/G</b>	Cuetia et al., 2012
HV	SNP	CAST-2959	0.65	0.35	0.39	0.52	0.09	<b>A/G</b>	Lenis et al., 2018
HV	SSCP	LEP	0.44	0.56	0.00	0.89	0.11	<b>C/T</b>	Cuetia et al., 2012
LUC	SSCP	CAPN1-316	0.25	0.75	0.03	0.46	0.57	<b>C/G</b>	Cuetia et al., 2012
LUC	SSCP	CAST-2959	0.63	0.37	0.43	0.47	0.10	<b>A/G</b>	Cuetia et al., 2012
LUC	SSCP	LEP	0.52	0.48	0.03	0.97	0.00	<b>C/T</b>	Cuetia et al., 2012
ROM	SSCP	CAPN1-316	0.12	0.88	0.04	0.15	0.81	<b>C/G</b>	Cuetia et al., 2012
ROM	SSCP	CAST-2959	0.73	0.27	0.50	0.47	0.03	<b>A/G</b>	Cuetia et al., 2012
ROM	SNP	GH	0.62	0.38	0.38	0.47	0.15		Luna-Nevárez et al., 2012
ROM	SNP	GLYCAM1	0.72	0.28	0.52	0.40	0.08		Luna-Nevárez et al., 2012
ROM	SNP	IGFBP6	0.30	0.70	0.09	0.42	0.49		Luna-Nevárez et al., 2012
ROM	SSCP	LEP	0.42	0.58	0.00	0.83	0.17	<b>C/T</b>	Cuetia et al. 2012
ROM	SNP	PAPP-A2	0.83	0.17	0.68	0.30	0.02		Luna-Nevárez et al., 2012
ROM	SNP	PAPP-A2	0.85	0.15	0.72	0.26	0.02		Luna-Nevárez et al., 2012
ROM	SNP	PMCH	0.35	0.65	0.12	0.46	0.42		Luna-Nevárez et al., 2012
SVO	SNP	CAPN1-316	0.33	0.67	0.12	0.44	0.44	<b>C/G</b>	Pereira et al., 2015
SVO	SNP	CAPN1-4751	0.60	0.40	0.36	0.48	0.16	<b>C/T</b>	Pereira et al., 2015
SVO	SSCP	DGAT1	0.64	0.36	0.40	0.47	0.13		Ripoli et al., 2006
SM	SSCP	CAPN1-316	0.11	0.89	0.04	0.14	0.82	<b>C/G</b>	Cuetia et al., 2012
SM	SSCP	CAST-2959	0.90	0.10	0.86	0.07	0.07	<b>A/G</b>	Cuetia et al., 2012
SM	SSCP	LEP	0.34	0.66	0.00	0.69	0.31	<b>C/T</b>	Cuetia et al., 2012
CU	ARMS	α-LA	0.29	0.71					Rincón et al., 2006
CU	ARMS	β-Ig	0.49	0.51					Rincón et al., 2006
YAC	SNP	CAPN1-316	0.22	0.78	0.05	0.35	0.60	<b>C/G</b>	Pereira et al., 2015
YAC	SNP	CAPN1-4751	0.76	0.24	0.58	0.37	0.05	<b>C/T</b>	Pereira et al., 2015

<sup>z</sup> BON = Blanco Orejinegro; BON-Z = Cruza Blanco Orejinegro-Cebú; BCP = Bovino Criollo de Perú; CQÑ = Caqueteño; CAS = Casanareño; CHAQ = Chaqueño CHS = Chino Santandereano; CCC = Costeño con Cuernos; CAR = Criollo Argentino; CCHI = Criollo de Chihuahua; CVG = Criollo de Valle Grande; CLT = Criollo Lechero Tropical; CL = Criollo Limonero; CRU = Criollo Reserva Uruguay; CRU = Criollo Rivera Uruguay; HV = Hartón del Valle; LUC = Lucerna; ROM = Romosinuano; SVO = Saavedreño; SM = San Martinero; CRU = Criollo Uruguay; YAC = Yacumeño.

<sup>y</sup> Tipo de marcador genético: SSCP = polimorfismo de conformación de cadena simple; SNP = polimorfismo de nucleótido simple; RFLP = fragmentos de restricción de longitud polimórfica.

<sup>x</sup> A = alelo de referencia.

<sup>w</sup> B = alelo alterno.

<sup>v</sup> SA = sustitución alélica; letras en negritas indican el alelo favorable.

En el caso de los bovinos criollos utilizados en la producción de carne, los polimorfismos de interés han sido los asociados con características de calidad de la carne, como la calpaína, calpastatina y leptina (Casas et al., 2006; Shin & Chung, 2006). Los resultados obtenidos en estos estudios muestran que los marcadores se presentan de manera polimórfica en estas poblaciones. En la mayoría de estas razas se reportan de media a alta frecuencia en los alelos favorables de estos marcadores, resultando útil para establecer planes de selección asistida y mejorar las características de la carne. Una descripción más detallada de resultados obtenidos en razas criollas se muestra en el Cuadro 7.

## **2.6 Características de adaptabilidad y sus asociaciones genéticas**

El grado de adaptabilidad de un animal o población puede definirse como la capacidad de desarrollarse, sobrevivir y reproducirse dentro de un entorno definido (Mirkena et al., 2010). Algunas poblaciones de bovinos se desarrollaron en ambientes difíciles, con temperaturas y niveles de humedad extremos, caracterizados por escaso recurso alimenticio y alta cantidad de parásitos y enfermedades, y aun así tener ciertos niveles de producción aceptables (Sölkner, Nakimbugwe, & Valle, 1998). Su nivel de producción alcanzado se debe a la prevalencia y expresión de genotipos en características asociadas con la adaptabilidad de esas poblaciones.

Los bovinos criollos poseen características visibles y distinguibles de otras razas, como el tamaño corporal (McIntosh, Gonzalez, Cibils, Estell, Nyamuryekung'e, & Spiegel, 2020), color (Hansen, 2020) y largo de pelo (Landaeta-Hernández et al., 2011); y de otras características no tan visibles, como bajos requerimientos para mantenimiento, alta habilidad materna (Coleman, Chase, Phillips, Riley, & Olson, 2012), resistencia a garrapatas (Gautier, & Naves, 2011), tolerancia al calor (Hammond et al., 1996), y mejores comportamientos productivos, lo que confirma las adaptaciones a climas y condiciones adversas adquiridas por selección natural y humana a través de las generaciones, desde el periodo de la conquista en América hasta la actualidad.

### *Tolerancia al calor*

La temperatura corporal medida por temperatura rectal es de los índices más comunes de tolerancia al calor en los bovinos, y presenta una heredabilidad moderada (Riley, Chase Jr, Coleman, & Olson, 2012). La capacidad de contener o minimizar los aumentos de temperatura corporal en condiciones cálidas y húmedas se ha considerado una prueba de adaptación (Finch, 1986). Los bovinos criollos Senepol y Romosinuano fueron comparados midiendo temperatura rectal, tasa de respiración y concentraciones de cortisol en sangre, mostrando que estas razas criollas poseen tolerancia al calor y presentan menores niveles de estrés en comparación con otras razas *Bos taurus* (Hammond et al., 1996). La temperatura rectal presentó valores de heredabilidad alrededor de 0.19, usando animales Romosinuano en Florida, EE.UU. (Riley et al., 2012).

El tipo de pelo corto y liso que presentan algunas razas bovinas criollas es diferente al pelo típico de otras razas *Bos taurus*. Esta característica está asociada con un gen importante denominado *slick hair gene*, el cual presenta un modo de herencia dominante e influye directamente en la tolerancia al calor en las razas bovinas que lo presentan, como Senepol y otras razas adaptadas al trópico (Olson, Lucena, Chase, & Hammond, 2003). Los bovinos con esta característica presentan menor masa de pelo por m<sup>2</sup> y un pelo más delgado, además de presentar menores señales de estrés por calor, como tasas de respiración elevadas (Littlejohn et al., 2014). La característica de *slick hair* en bovinos criollos ha sido asociada con el gen de receptor de prolactina (RPRL), presentando varias mutaciones en la región del cromosoma 20 (Murillo et al., 2020). En algunos estudios se han encontrado animales con presencia de estas mutaciones; por ejemplo, en bovinos Senepol (Huson et al., 2014; Mariasegaram et al., 2007), Carora (Huson et al., 2014; Nascimento et al., 2019), Limonero (Porto-Neto et al., 2018), y Romosinuano (Huson et al., 2014).

### *Resistencia a enfermedades*

La infestación por garrapatas es uno de los principales problemas a los que se enfrenta la ganadería en las regiones tropicales, causando pérdidas económicas para la industria pecuaria (Byford, Craig, & Crosby, 1992). Entre los genes más estudiados del sistema inmunológico asociados con diversas enfermedades y con la resistencia a la infestación de ectoparásitos, son los del complejo mayor de histocompatibilidad (BoLA), los cuales pueden facilitar la selección anticipada de individuos superiores (Martínez et al., 2006b; Núñez-Domínguez et al., 2016).

En bovinos criollos se han realizado algunos estudios de asociación del gen BoLA con infestación de parásitos y otras enfermedades, así como la prevalencia de estos marcadores en las poblaciones. En ganado criollo Hartón del Valle se encontró asociación de alelos del gen BoLA-DRB3.2 con el virus de la leucosis bovina, indicando que esta raza tiene poca presencia de esa enfermedad, alta diversidad del gen BoLA-DRB3.2, y asociaciones positivas entre el virus de la leucosis bovina y alelos DRB3.2 (Terranova, Florez, Giovambattista, & Franco, 2012). En los bovinos Blanco Orejinegro, con marcadores RFLP para el segundo exón del gen BoLA DRB3 (BoLA-DRB3.2), se encontraron asociaciones con bajos niveles de infestación por *Dermatobia hominis* (Martínez et al., 2005). En las razas criollas colombianas Blanco Orejinegro, Casanareño, Costeño con Cuernos, Chino Santandereano, Caqueteño, Hartón del Valle, Romosinuano, y San Martinero se obtuvieron las frecuencias de alelos relacionados previamente con baja carga proviral del virus de la leucosis bovina, con resistencia a brucelosis y garrapatas, y con diferentes tipos de mastitis (Hernández, Posso, Muñoz, Giovambattista, & Franco, 2013).

### **2.7 Conclusiones**

Unas de las razones para conservar las razas bovinas criollas son que estas se consideran una fuente de diversidad genética y poseen genes relacionados con la adaptación a ciertos ambientes. El aprovechamiento de las razas criollas en los sistemas de producción ayuda a su conservación. Para esto, es necesario diseñar esquemas de selección considerando tanto la parte de diversidad

genética como el aprovechamiento de la variabilidad genética para las características de interés en la raza.

## 2.8 Literatura citada

- Ajmone-Marsan, P., Garcia, J. F., & Lenstra, J. A. (2010). On the origin of cattle: How aurochs became cattle and colonized the world. *Evolutionary Anthropology: Issues, News, and Reviews*, 19(4), 148-157.
- Akinsola, O. M., Jirgi, D. J., Ogundeji, A. A. O., Shuaib, M. O., Ismail, A. W., & Ugwu, L. (2018). Analysis of milk and biometric traits of Brown Swiss cattle in high arid climate. *Current Journal of Applied Science and Technology*, 1-7.
- Almeyda, M., Rosadio, R., & Maturrano, L. (2016). Genotipos del gen Kappa-Caseína en ganado bovino criollo del distrito de Bambamarca, Cajamarca, Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 27(1), 82-90.
- Arandas, J. K. G., da Silva, N. M. V., Nascimento, R. D. B., Pimenta F., E. C., Albuquerque B. L. H. de., & Ribeiro, M. N. (2017). Multivariate analysis as a tool for phenotypic characterization of an endangered breed. *Journal of Applied Animal Research*, 45(1), 152-158.
- Aranguren, J. A., Portillo, M. G., Rondón, C. F., Villasmil-Ontiveros, Y., Rojas, I., Torres, P., & Contreras, G. (2011). Frecuencia alélica del gen de la calpastatina en el ganado Criollo Limonero. *Revista de la Universidad del Zulia*, 3(2), 194-202.
- Becerril-Pérez, C. M., Álvarez-Cepeda, A. A., Rosendo-Ponce, A., Alonso-Morales, R. A., Gayosso-Vázquez, A., Torres-Hernández, G., & Rosales-Martínez, F. (2020). Kappa-casein genotyping in Tropical Milking Criollo and its association to milk production and composition. *Tropical Animal Health and Production*, 52(6), 3885-3888.
- Asbjarnardottir, M. G., Kristjansson, T., Jonsson, M. B., & Hallsson, J. H. (2010). Analysis of genetic diversity and population structure within the Icelandic cattle breed using molecular markers. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science*, 60(4), 203-210.
- Byford, R. L., Craig, M. E., & Crosby, B. L. (1992). A review of ectoparasites and their effect on cattle production. *Journal of Animal Science*, 70(2), 597-602.
- Caballero, A. (1994). Developments in the prediction of effective population size. *Heredity*, 73(6), 657-679.
- Cabezas, C. R., Barba, C. C., González, M. A., Cevallos, F. O., León, J. J. M., Aguilar, R. J. M., & García, M. A. (2019). Estudio biométrico del bovino criollo de Santa Elena (Ecuador). *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 10(4), 819-836.
- Canales V., A. (2014). Caracterización genética y morfológica de vacas de la raza Criollo Lechero Tropical. Tesis de Maestría en Ciencias. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Veracruzana, Veracruz,



- México. Disponible en: <https://cdigital.uv.mx/handle/123456789/39985>.  
Fecha de consulta: 4 de mayo de 2021.
- Carolino, N., & Gama, L. T. (2007). Indicators of genetic erosion in an endangered population: The Alentejana cattle breed in Portugal. *Journal of Animal Science*, 86, 47-56.
- Casas, E., White, S. N., Wheeler, T. L., Shackelford, S. D., Koohmaraie, M., Riley, D. G., ... & Smith, T. P. L. (2006). Effects of calpastatin and  $\mu$ -calpain markers in beef cattle on tenderness traits. *Journal of Animal Science*, 84(3), 520-525.
- Cerquera, F., Martínez, R., Toro, R., Tobón, J., Gallego, J., & Rueda, E. (2009). Frecuencias alélicas para variantes SNP en el gen Nramp1 en bovinos infectados con *Brucella abortus* o clasificados por resistencia al patógeno. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 10(1), 43-50.
- Cervantes, I., Goyache, F., Molina, A., Valera, M., & Gutiérrez, J. P. (2008). Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 125, 301-310.
- Chin-Colli, R., Estrada-León, R. J., Monforte, J. M., Correa, J. C. S., & Núñez-Domínguez, R. (2016). Genetic parameters for growth and reproductive traits of Brown Swiss cattle from Mexico. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*, 3(7), 11-20.
- Coleman, S. W., Chase, C. C., Phillips, W. A., Riley, D. G., & Olson, T. A. (2012). Evaluation of tropically adapted straightbred and crossbred cattle: Postweaning BW gain and feed efficiency when finished in a temperate climate. *Journal of Animal Science*, 90(6), 1955-1965.
- Contreras, G. E., Rico, M., & Chirinos, Z. (2007). Estimation of genetic parameters for the birth weight in Creole Limonero calves from Venezuela. *Información Técnica Económica Agraria*, 28 (2), 525-527.
- Cuetia, J., Posso, A. M., Muñoz, J. E., Ariza, M. F., & Alvarez, L. A. (2012). Tipificación de las frecuencias de los genes calpaína, calpastatina y leptina en bovinos criollos colombianos. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal*, 2, 231-234.
- De Escobar, C. (2014). Medidas zoométricas del ganado bovino criollo de Panamá. *Investigación y Pensamiento Crítico*, 2(5), 26-33.
- De Soto, L., Postiglioni, A., & Armstrong, E. (2010). Marcadores moleculares asociados a la terneza de la carne: análisis del gen de la calpastatina en Aberdeen Angus, Hereford y bovino Criollo del Uruguay. *Agrociencia*, 14(3), 180.
- Dekkers, J. C. (2004). Commercial application of marker-and gene-assisted selection in livestock: Strategies and lessons. *Journal of Animal Science*, 82(Suppl. 13), 313-328.
- Delgado, J. V., Martínez, A. M., Acosta, A., Alvarez, L. A., Armstrong, E., Camacho, E., ... & Marques, J. R. (2012). Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers. *Animal Genetics*, 43(1), 2-10.
- Delgado, A., García, C., Allcahuamán, D., Aguilar, C., Estrada, P., & Vega, H. (2019). Caracterización fenotípica del ganado criollo en el parque

- nacional Huascarán-Ancash, Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 30(3), 1143-1149.
- Espinoza, J. L., Guevara, J. A., & Palacios, A. (2009). Caracterización morfológica y faneróptica del bovino criollo Chinampo de México. *Archivos de Zootecnia*, 58(222), 277-279.
- Falconer, D. S., & Mackay T. F. C. (1996). *Introducción a la Genética Cuantitativa*. España: Editorial Acribia, S. A. Zaragoza. 469 p.
- FAO. 1998. *Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: Management of small populations at risk*. Rome, Italy. 210 p.
- FAO. (2000). *World watch list for domestic animal diversity*. Edited by: Scherf, B. D., Rome, Italy. 726 p. Disponible en: [http://webpages.icav.up.pt/PTDC/CVT/099782/2008/References%20for%20Exomics%20proposal%20\[PTDC-CVT-099782-2008\]/PDF%20files%20of%20references\\_max%2030%20\[Exomics\]/Scherf%20BD%202000\\_World%20Watch%20List%20for%20Domestic%20Animal%20Diversity-3rd%20edition.pdf](http://webpages.icav.up.pt/PTDC/CVT/099782/2008/References%20for%20Exomics%20proposal%20[PTDC-CVT-099782-2008]/PDF%20files%20of%20references_max%2030%20[Exomics]/Scherf%20BD%202000_World%20Watch%20List%20for%20Domestic%20Animal%20Diversity-3rd%20edition.pdf). Fecha de consulta: 4 de mayo de 2021.
- FAO. (2012). *Realización de encuestas y seguimiento de los recursos zogenéticos*. Rome, Italy. 156 p. Disponible en: <http://www.fao.org/3/ba0055s/ba0055s00.pdf>. Fecha de consulta: 4 de mayo de 2021.
- Finch, V. A. (1986). Body temperature in beef cattle: Its control and relevance to production in the tropics. *Journal of Animal Science*, 62(2), 531-542.
- Frankham, R., Ballou, J. D. & Briscoe, D. A. 2002. *Introduction to Conservative Genetics*. Cambridge University Press. Cambridge, England.
- Garza, R. P., & Figueroa, D. G. (2019). Características e índices zoométricos del bovino criollo de las montañas de Chiapas y su cruce con cebú. *La Investigación Universitaria y sus Contribuciones en Mesoamérica*, 29.
- Gautier, M., & Naves, M. (2011). Footprints of selection in the ancestral admixture of a New World Creole cattle breed. *Molecular Ecology*, 20(15), 3128-3143.
- Gutiérrez, J. P., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Cañón, J., & Piedrafita, J. (2003). Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 35(1), 43-63.
- Hammond, A. C., Olson, T. A., Chase Jr, C. C., Bowers, E. J., Randel, R. D., Murphy, C. N., ... & Tewolde, A. (1996). Heat tolerance in two tropically adapted *Bos taurus* breeds, Senepol and Romosinuano, compared with Brahman, Angus, and Hereford cattle in Florida. *Journal of Animal Science*, 74(2), 295-303.
- Hansen, P. J. (2020). Prospects for gene introgression or gene editing as a strategy for reduction of the impact of heat stress on production and reproduction in cattle. *Theriogenology*, 154, 190-202.
- Hernández, H. D., Posso, A., Muñoz, J., Giovambattista, G., & Franco, L. (2013). Polimorfismos del gen BoLA-DRB3. 2\* en ganado criollo colombiano. *Revista MVZ Córdoba*, 18(Supl), 3665-3671.

- Hu, Z. L., Park, C. A., & Reecy, J. M. (2019). Building a livestock genetic and genomic information knowledgebase through integrative developments of Animal QTLdb and CorrDB. *Nucleic acids research*, 47(D1), D701-D710.
- Huson, H. J., Kim, E. S., Godfrey, R. W., Olson, T. A., McClure, M. C., Chase, C. C., ... & Sonstegard, T. S. (2014). Genome-wide association study and ancestral origins of the slick-hair coat in tropically adapted cattle. *Frontiers in Genetics*, 5, 101, 1-10.
- Kristensen, T. N., Hoffmann, A. A., Pertoldi, C., & Stronen, A. V. (2015). What can livestock breeders learn from conservation genetics and *vice versa*? *Frontiers in Genetics*, 6, 38.
- Landaeta-Hernández, A., Zambrano-Nava, S., Hernández-Fonseca, J. P., Godoy, R., Calles, M., Iragorri, J. L., ... & Olson, T. (2011). Variability of hair coat and skin traits as related to adaptation in Criollo Limonero cattle. *Tropical Animal Health and Production*, 43(3), 657-663.
- Lenis, C., Ramos, L., Londoño, M., Hernández, D., & Álvarez, L. (2018). Polimorfismos de los genes calpaína y calpastatina en el ganado criollo colombiano Hartón del Valle. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 29(3), 818-827.
- Littlejohn, M. D., Henty, K. M., Tiplady, K., Johnson, T., Harland, C., Lopdell, T., ... & Davis, S. R. (2014). Functionally reciprocal mutations of the prolactin signaling pathway define hairy and slick cattle. *Nature Communications*, 5(1), 1-8.
- López C., E. (2019). *Caracterización etnológica de vacas criollas en el estado de Campeche*. Tesis de Maestría en Ciencias. Instituto Tecnológico de Konkal. Disponible en: [http://www.itconkal.edu.mx/images/POSGRADO\\_NEW/REPOSITORIO%20INSTITUCIONAL%20DE%20TESIS%20Y%20TRABAJO%20TERMINAL/2017-2019\\_Eduardo%20L%C3%B3pez%20Caraveo.pdf](http://www.itconkal.edu.mx/images/POSGRADO_NEW/REPOSITORIO%20INSTITUCIONAL%20DE%20TESIS%20Y%20TRABAJO%20TERMINAL/2017-2019_Eduardo%20L%C3%B3pez%20Caraveo.pdf). Fecha de consulta: 4 de mayo de 2021.
- Luna-Nevárez, P., Rincón, G., Medrano, J. F., Riley, D. G., Chase Jr, C. C., Coleman, S. W., ... & Thomas, M. G. (2012). Identificación de un polimorfismo del gen PAPP-A2 asociado a la fertilidad en vaquillas Romosinuano criadas en subtrópico. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 3(2), 185-200.
- Marquardt, S., Soto, D., & Joaquin, N. (2018). Foraging behavior of Criollo vs. Brahman x Criollo Crossbreds in the Bolivian Chaco: Case Study. *Rangeland Ecology & Management*, 71(6), 757-761.
- M-Rocha, J. F., Gallego, J. L., Vásquez, R. F., Pedraza, J. A., Echeverri, J., Cerón-Muñoz, M. F., & Martínez, R. (2012). Estimación de parámetros genéticos para edad al primer parto e intervalo entre partos en poblaciones bovinas de la raza Blanco Orejinegro (BON) en Colombia. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 25(2), 220-228.
- Mariasegaram, M., Chase Jr, C. C., Chaparro, J. X., Olson, T. A., Brenneman, R. A., & Niedz, R. P. (2007). The slick hair coat locus maps to chromosome 20 in Senepol-derived cattle. *Animal Genetics*, 38(1), 54-59.
- Martínez, C. G., & Henao, F. G. (2000). El ganado criollo Sanmartinero (SM) y su potencial productivo. *Animal Genetic Resources*, 28, 7-17.

- Martínez, R., Toro, R., Montoya, Burbano, M., F., Tobón, J. I., Gallego, J., & Ariza, F. (2005). Caracterización del locus BoLA-DRB3 en ganado criollo colombiano y asociación con resistencia a enfermedades. *Archivos de Zootecnia*, 54(206), 349-356.
- Martínez, R. A., & Pérez, J. E. (2006). Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento en el ganado criollo colombiano Romosinuano. *Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 7(1), 25-32.
- Martínez, R. A., Pérez, J. E., & Herazo, T. (2006a). Estimation of genetic parameters and variance components for growth traits in Costeño Con Cuernos cattle in Colombian humid tropic. *In: Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brazil, 13-18 August, 2006 pp. 32-20.
- Martínez, M. L., Machado, M. A., Nascimento, C. S., Silva, M. V. G. B., Teodoro, R. L., Furlong, J., ... & Verneque, R. S. (2006b). Association of BoLA-DRB3. 2 alleles with tick (*Boophilus microplus*) resistance in cattle. *Genetics and Molecular Research*, 5(3), 513-524.
- Martínez, R. A., García, D., Gallego, J. L., Onofre, G., Pérez, J., & Cañón, J. (2008). Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. *Journal of Animal Science*, 86, 545–552.
- Martínez, R. A., Onofre, G., & Polanco, N. (2009a). Parámetros y tendencias para características de crecimiento en el ganado criollo Sanmartinero. *Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 10(2), 196-204.
- Martínez, R., Gallego, J., Onofre, G., Pérez, J., & Vásquez, R. (2009b). Evaluación de la variabilidad y potencial genético de poblaciones de bovinos criollos colombianos. *Animal Genetic Resources*, 44, 57-66.
- Martínez, R., Dunner, S., Toro, R., Tobón, J., Gallego, J., & Cañón, J. (2010). Effect of polymorphisms in the Slc11a1 coding region on resistance to brucellosis by macrophages in vitro and after challenge in two Bos breeds (Blanco Orejinegro and Zebu). *Genetics and Molecular Biology*, 33(3), 463-470.
- Martínez, A. M., Gama, L. T., Cañón, J., Ginja, C., Delgado, J. V., Dunner, S., ... & Zaragoza, P. (2012). Genetic footprints of Iberian cattle in America 500 years after the arrival of Columbus. *PLoS One*, 7(11), e49066.
- Martínez, J. L., Bernal, J. Q., & Herrera, L. G. (2019). Estimación de parámetros genéticos para producción de leche en el día de control y a los 305 días en primeras lactancias de vacas Lucerna. *Livestock Research for Rural Development*, 31, 179.
- Martínez-Rocha, R. E., Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., & García-Muñiz, J. G. (2018). Parámetros y tendencias genéticas de variables de crecimiento para bovinos Romosinuano en México. *Nova Scientia*, 10(21), 310-325.
- Martínez-Villate, G. C., Martínez-Correal, G., & Manrique-Perdomo, C. (2009). Estimación de parámetros genéticos de edad al primer parto e intervalo entre partos de vacas criollas Sanmartineras (SM). *Orinoquia*, 13(2), 113-125.

- McIntosh, M., Gonzalez, A., Cibils, A., Estell, R., Nyamuryekung'e, S., & Spiegel, S. (2020). PSVII-1 A preliminary phenotypic characterization of Raramuri Criollo cattle. *Journal of Animal Science*, 98(Suppl. 4), 307-307.
- Meuwissen, T. (2009). Genetic management of small populations: A review. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science*, 59, 71-79.
- Meyer, K. (1992). Variance components due to direct and maternal effects for growth traits of Australian beef cattle. *Livestock Production Science*, 31, 179-204.
- Mirkena, T., Duguma, G., Haile, A., Tibbo, M., Okeyo, A. M., Wurzinger, M., & Sölkner, J. (2010). Genetics of adaptation in domestic farm animals: A review. *Livestock Science*, 132(1-3), 1-12.
- Murillo, J. M. F., Landaeta-Hernández, A. J., Kim, E. S., Bostrom, J. R., Larson, S. A., O'Brien, A. M. P., ... & Sonstegard, T. S. (2020). Three novel nonsense mutations of prolactin receptor found in heat-tolerant *Bos taurus* breeds of the Caribbean Basin. *Animal Genetics*, 52(1), 132-134.
- Nascimento, J., Seiberlick, O. S. G., Carvalho, B., Pereira, H. P., Reis, D. D. L., Martins, M. F., ... & Silva, M. (2019). Frecuência alélica e genotípica do SNP ligado ao fenótipo slick hair no gene do receptor da prolactina (PRLR) em bovinos da raça Caracu. In *Embrapa Gado de Leite-Artigo em anais de congresso*, 24.
- Ndumu, D. B., Baumung, R., Wurzinger, M., Drucker, A. G., Okeyo, A. M., Semambo, D., & Sölkner, J. (2008). Performance and fitness traits versus phenotypic appearance in the African Ankole Longhorn cattle: A novel approach to identify selection criteria for indigenous breeds. *Livestock Science*, 113(2-3), 234-242.
- Nomura, T. (2005). Effective population size under random mating with a finite number of matings. *Genetics*, 171(3), 1441-1442.
- Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Saavedra-Jiménez, L. A., & García-Muñiz, J. G. (2016). La adaptabilidad de los recursos zoogenéticos criollos, base para enfrentar los desafíos de la producción animal. *Archivos de Zootecnia*, 65(251), 461-468.
- Núñez-Domínguez, R., Martínez-Rocha, R. E., Hidalgo-Moreno, J. A., Ramírez-Valverde, R., & García-Muñiz, J. G. (2020). Evaluation of the Romosinuano cattle population structure in Mexico using pedigree analysis. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 33(1), 44-59.
- Olson, T. A., Lucena, C., Chase, C. C., & Hammond, A. C. (2003). Evidence of a major gene influencing hair length and heat tolerance in *Bos taurus* cattle. *Journal of Animal Science*, 81(1), 80-90.
- Ossa, G. A., & Suárez, M. A. (2007). Factores ambientales y genéticos que influyen la edad al primer parto y el intervalo entre partos en hembras de la raza criolla Romosinuano. *Ciencia & Tecnología Agropecuaria*, 8(2), 74-80.
- Ossa, G., Pérez, J. E., Guerra, D., González-Peña, D., Jiménez, F., Gallego, J., & Polanco, N. (2008). Parámetros genéticos y tendencias genéticas de rasgos de crecimiento de la raza criolla colombiana Costeño con Cuernos. *Ciencia y Tecnología Ganadera*, 2(3), 133-139.






- Ossa, G., Abuabara, Y., García, J. P., & Martínez, G. (2011). El ganado criollo colombiano Costeño con Cuernos (CCC). *Animal Genetic Resources*, 48, 101-107.
- Ossa S., G. A., Narváez P., H. J., Noriega M., J. G., Pérez G., J. E., & Vergara G. O. D. (2014). Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento en una población de ganado criollo Romosinuano. *Livestock Research for Rural Development*, 26(10).
- Ouédraogo, D., Soudré, A., Ouédraogo-Koné, S., Zoma, B. L., Yougbaré, B., Khayatzaheh, N., ... & Sölkner, J. (2020). Breeding objectives and practices in three local cattle breed production systems in Burkina Faso with implication for the design of breeding programs. *Livestock Science*, 232, 103910.
- Palacios, N. M., García, M. R., Palapa, J. S., Benítez, R. A., & Mendoza, M. M. (2002). Caracterización morfométrica del bovino Criollo Mixteco. *Archivos de Zootecnia*, 51(193), 24.
- Perezgrovas-Garza, R. (2017). *Catálogo ilustrado de los bovinos criollos de México: razas locales y sistemas empíricos de manejo*. Universidad Autónoma de Chiapas, Instituto de Estudios Indígenas-UNACH. México.
- Pereira, J. A. C., Falomir L., A. H., Loza, A., Villegas C., E. E., Rojas, P., Carino, M., ... & Giovambattista, G. (2015). Comparación de frecuencias alélicas y genotípicas de los polimorfismos CAPN1-316 y CAPN1-4751 del gen de la calpaína en tres poblaciones de ganado criollo boliviano. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal*, 6.
- Porto-Neto, L. R., Bickhart, D. M., Landaeta-Hernandez, A. J., Utsunomiya, Y. T., Pagan, M., Jimenez, E., ... & Sonstegard, T. S. (2018). Convergent evolution of slick coat in cattle through truncation mutations in the prolactin receptor. *Frontiers in genetics*, 9, 57.
- Rasor, C. C., Thomas, M. G., Enns, R. M., Salazar, H. C., Zhang, H. M., Williams, G. L., ... & Rios, J. (2002). Allelic and genotypic frequencies of the leptin gene Sau3AI - Restriction Fragment Length Polymorphism and evaluation of its association with age at puberty in cattle in the Southwestern United States and Northern Mexico. *The Professional Animal Scientist*, 18(2), 141-146.
- Reed, J. A., Garrison, M. D., McEvers, T. J., May, N. D., Walter, L. J., Hutcheson, J. P., & Lawrence, T. E. (2017). Objective biometric measurements of calf-fed Holstein steers fed in confinement. *Journal of Animal Science*, 95(3), 1205-1208.
- Riley, D. G., Chase Jr, C. C., Coleman, S. W., & Olson, T. A. (2012). Genetic assessment of rectal temperature and coat score in Brahman, Angus, and Romosinuano crossbred and straightbred cows and calves under subtropical summer conditions. *Livestock Science*, 148(1-2), 109-118.
- Rincón, G., Armstrong, E., & Postiglioni, A. (2006). Analysis of the population structure of Uruguayan Creole cattle as inferred from milk major gene polymorphisms. *Genetics and Molecular Biology*, 29(3), 491-495.
- Ripoli, M. V., Corva, P., & Giovambattista, G. (2006). Analysis of a polymorphism in the DGAT1 gene in 14 cattle breeds through PCR-SSCP methods. *Research in Veterinary Science*, 80(3), 287-290.

- Rojas, I., Aranguren-Méndez, J., Portillo, M., Villasmil-Ontiveros, Y., Rincón, X., & Contreras, G. (2010). Frecuencias alélicas de beta-lactoglobulina en ganado Criollo Limonero. *Revista Científica*, 20(2), 176-180.
- Rosendo-Ponce, A., Palacios-Jiménez, A. L., Rosales-Martínez, F., Torres-Hernández, G., Ramírez-Valverde, R., & Becerril-Pérez, C. M. (2018). Genetic variability of Tropical Milking Criollo cattle of Mexico estimated from genealogy information. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 31(3), 196-203.
- Salamanca-Carreño, A., & Crosby-Granados, R. A. (2014). Estudio fenotípico del bovino criollo Casanare biotipo Araucano. Análisis zoométrico. *Zootecnia Tropical*, 31(3), 201-208.
- San, G. T. A., & Molina-Flores, B. (2016). Caracterización fenotípica del bovino Criollo de Surinam en los distritos de Coronie y Nickerie. *Archivos de Zootecnia*, 65(251), 399-401.
- Santellano-Estrada, E., Becerril-Pérez, C. M., De Alba, J., Chang, Y. M., Gianola, D., Torres-Hernández, G., & Ramírez-Valverde, R. (2008). Inferring genetic parameters of lactation in Tropical Milking Criollo cattle with random regression test-day models. *Journal of Dairy Science*, 91(11), 4393-4400.
- Shin, S. C., & Chung, E. R. (2006). Association of SNP marker in the leptin gene with carcass and meat quality traits in Korean cattle. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 20(1), 1-6.
- Sölkner, J., Nakimbugwe, H., & Valle, Z. A. (1998). Analysis of determinants for success and failure of village breeding programmes. In *Proceedings of the 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, 25, 273-281.
- Sölkner, J., Grausgruber, H., Okeyo, A. M., Ruckebauer, P., & Wurzinger, M. (2008). Breeding objectives and the relative importance of traits in plant and animal breeding: a comparative review. *Euphytica*, 161(1), 273-282.
- Terranova, A. M. P., Florez, J. E. M., Giovambattista, G., & Franco, L. A. A. (2012). Asociación del gen BoLA-DRB3. 2 con el virus de la leucosis bovina (VLB) en ganado criollo hartón del Valle. *Acta Agronómica*, 61(5), 22-23.
- Torres-Rodríguez, P. V., Aranguren-Méndez, J. A., Portillo-Ríos, M. G., Rojas, I. M., & Chango-Oduber, R. (2015). Estudio de los polimorfismos CAPN316, CAPN4751 y CAST2959: relación con la terneza de la carne en el ganado criollo limonero. *Revista Científica*, 25(3), 232-238.
- Vela, J. A. O., & Plasse, D. (2020). Zoometría de dos poblaciones de ganado Criollo de Venezuela. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, 28(3-4), 91-101.
- Verrier, E., Colleau, J. J., & Foulley, J. L. (1993). Long-term effects of selection based on the animal model BLUP in a finite population. *Theoretical and Applied Genetics*, 87(4), 446-454.
- Villaseñor-González, F., de la Torre, S. J. F., Martínez-Velázquez, G., Álvarez-Gallardo, H., Pérez-Reynoso, S., Palacios-Fránquez, J. A., ... & Montañón-Bermúdez, M. (2017). Caracterización de la respuesta ovárica a la superovulación en bovino Criollo Coreño utilizando dosis reducidas de FSH. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 8(3), 225-232.

- Villasmil-Ontiveros, Y., Aragues-Mendez, J., Roman, R., Isea, W., Contreras, G., Zambrano, S., & Jordana, J. (2008). Pedigree analysis in Criollo Limonero. *Revista Científica, FCV-LUZ*, 18(3), 284-290.
- Wright, S. (1922). Coefficients of inbreeding and relationship. *The American Naturalist*, 56(645), 330-338.
- Yakubu, A., Idahor, K. O., Haruna, H. S., Wheto, M., & Amusan, S. (2010). Multivariate analysis of phenotypic differentiation in Bunaji and Sokoto Gudali cattle. *Acta Agriculturae Slovenica*, 96, 75-80.



### **3. COMPORTAMIENTO DE CRECIMIENTO Y REPRODUCTIVO EN HEMBRAS BOVINAS ROMOSINUANO**

Ricardo Emmanuel Martínez-Rocha<sup>1</sup> ; Rodolfo Ramírez-Valverde<sup>1\*</sup> ; Rafael Núñez-Domínguez<sup>1</sup> ; José Guadalupe García-Muñiz<sup>1</sup> ; Gaspar Manuel Parra-Bracamonte<sup>2</sup> .

<sup>1</sup>Universidad Autónoma Chapingo, Posgrado en Producción Animal, Km 38.5 Carretera México-Texcoco, CP 56230, Chapingo, México.

<sup>2</sup>Instituto Politécnico Nacional, Centro de Biotecnología Genómica, Boulevard del Maestro SN. Esq. Elías Piña, Col. Narciso Mendoza, Reynosa, Tamaulipas, México. CP 88710.

\*Correspondencia: [rrv33@hotmail.com](mailto:rrv33@hotmail.com)

Martínez-Rocha, R. E., Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., García-Muñiz, J. G., & Parra-Bracamonte, G. M. (2021). Comportamiento de crecimiento y reproductivo en hembras bovinas Romosinuano. *Revista MVZ Córdoba*, 26(1), e2033. <https://doi.org/10.21897/rmvz.2033>

Original

# Comportamiento de crecimiento y reproductivo en hembras bovinas Romosinuano

Ricardo Martínez-Rocha<sup>1</sup>  M.Sc; Rodolfo Ramírez-Valverde<sup>1\*</sup>  Ph.D; Rafael Núñez-Domínguez<sup>1</sup>  Ph.D; José G. García-Muñiz<sup>1</sup>  Ph.D; Gaspar M. Parra-Bracamonte<sup>2</sup>  Ph.D.

<sup>1</sup>Universidad Autónoma Chapingo, Posgrado en Producción Animal, Km 38.5 Carretera México-Texcoco, CP 56230, Chapingo, México.

<sup>2</sup>Instituto Politécnico Nacional, Centro de Biotecnología Genómica, Boulevard del Maestro SN. Esq. Elías Piña, Col. Narciso Mendoza, Reynosa, Tamaulipas, México. CP 88710.

\*Correspondencia: [rv33@hotmail.com](mailto:rv33@hotmail.com)

Recibido: Mayo 2020; Aceptado: Agosto 2020; Publicado: Noviembre 2020.

## RESUMEN

**Objetivo.** Caracterizar las curvas de crecimiento y el comportamiento reproductivo de vacas Romosinuano en México. **Materiales y métodos.** Se analizaron 928 registros de peso y edad de 127 hembras para características de crecimiento, y 459 registros de partos de 113 vacas para características reproductivas. Se ajustaron cuatro modelos no lineales mixtos para describir la curva de crecimiento, y se estimaron los indicadores de edad al 50% de madurez (E50M) y porcentaje de madurez a los 18 meses de edad (PM18). Para evaluar el comportamiento reproductivo se estimó la edad al primer parto (EPP), intervalo entre partos (IEP), y tasa de pariciones (TP). **Resultados.** El modelo de Brody fue el que mejor ajustó la curva de crecimiento. El parámetro  $A$ , que estima el peso maduro, osciló entre 430.2 y 466.2 kg; el  $b$  entre 0.94 y 5.45; y el  $k$  entre 0.001 y 0.002; dependiendo del modelo utilizado. La E50M varió entre 20 y 21 meses, y el PM18 entre 44.5 y 45.5%. Las medias de EPP, IEP, y TP a los 550 d fueron  $1059 \pm 282$  d,  $553 \pm 68$  d, y  $74 \pm 19\%$ , y mejorando ( $p < 0.05$ ) cuando las hembras presentan mayor porcentaje de su peso maduro, dependiendo de la época de parto. **Conclusiones.** El peso maduro estimado indica que el ganado Romosinuano puede considerarse como una raza de tamaño pequeño o mediano, con aceptable aptitud reproductiva. Las hembras con menor tamaño maduro estimado presentaron edades al primer parto más temprano que vacas más pesadas.

**Palabras clave:** Edad al primer parto; intervalo entre partos; modelos de crecimiento; peso vivo; recursos genéticos (*Fuente: CAB*).

## ABSTRACT

**Objective.** To characterize growth curves and reproductive performance of Romosinuano cows in Mexico. **Materials and methods.** Weight and age records (928) of females (117) for growth traits and calving records (459) of cows (113) for reproductive traits were analyzed. Four non-linear mixed models were adjusted to describe the growth curves. Indicators of age at 50% of maturity

### Como citar (Vancouver).

Martínez-Rocha RE, Ramírez-Valverde R, Núñez-Domínguez R, García-Muñiz JG, Parra-Bracamonte GM. Growth and reproductive performance in females of Romosinuano cattle. Rev MVZ Córdoba. 2021; 26(1):e2033. <https://doi.org/10.21897/rmvz.2033>



©El (los) autor (es), Revista MVZ Córdoba 2020. Este artículo se distribuye bajo los términos de la licencia internacional Creative Commons Attribution 4.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>), que permite a otros distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir de su obra de modo no comercial, siempre y cuando den crédito y licencien sus nuevas creaciones bajo las mismas condiciones.

(A50M), and percentage of maturity at 18 months of age (PM18) were estimated. The reproductive performance was evaluated through the age at first calving (AFC), the calving interval (CI), and calving rate (CR). **Results.** The Brody model showed the best adjustment to the growth curve. The *A* parameter, which estimates maturity weight, fluctuated within 430.2 and 466.2 kg; the *b* parameter within 0.94 and 5.45; and the *k* parameter within 0.001 and 0.002; depending on the used model. The A50M varied from 20 to 21 months, and the PM18 from 44.5 to 45.5%. The means for AFC, CI, and CR at 550 d were  $1059 \pm 282$  d,  $553 \pm 68$  d, and  $74 \pm 19\%$ ; those indicators improved ( $p < 0.05$ ) when cows have a higher percentage of their maturity weight, depending on calving season. **Conclusions.** The estimates of maturity weight indicate that Romosinuano cattle could be considered as a breed of small or medium size, with an acceptable reproductive ability. The females with small estimated maturity size aged at first calving earlier than cows with high weights.

**Keywords:** Age at first calving; calving interval; genetic resources; growth models; liveweight (*Source: CAB*).

## INTRODUCCIÓN

La producción del ganado bovino en las regiones tropicales cálidas se caracteriza por tener un bajo nivel técnico de manejo y un sistema de producción tradicional basado en una baja calidad de praderas, escaso uso de tecnología y limitados recursos genéticos adaptados al trópico (1). La producción bovina en zonas tropicales está afectada por varios factores, siendo los climáticos los principales que afectan el crecimiento animal (2). Los bovinos criollos son animales que surgen del aislamiento y adaptación de ganado desde su llegada al continente americano, originando diferentes razas que se desarrollaron en ambientes hostiles de América (3). Los bovinos Romosinuano son animales criollos adaptados a condiciones de clima adverso, lo cual sugiere que su crecimiento y comportamiento reproductivo es aceptable considerando las contingencias que conllevan los ambientes tropicales.

La evaluación del crecimiento de los animales es una práctica importante para evaluar la rentabilidad y la eficiencia en la producción de carne. El crecimiento corporal se ha representado mediante modelos no lineales, que describen el crecimiento a lo largo del tiempo en función de un número reducido de parámetros (4). Por otro lado, un factor que restringe la productividad de la ganadería tropical es la baja eficiencia reproductiva. Ossa et al (5) mencionan que una característica sobresaliente del ganado Romosinuano es su adaptación a condiciones tropicales, lo cual se refleja en excelentes índices de fertilidad.

Desde hace dos décadas, productores mexicanos establecieron hatos de bovinos Romosinuano (3), cuya población ha ido en aumento (6), por

lo que es conveniente la evaluación productiva y reproductiva de este recurso genético. El objetivo de este estudio fue caracterizar el crecimiento y la actividad reproductiva de hembras Romosinuano en México.

## MATERIALES Y MÉTODOS

**Origen de la información.** Los datos provinieron de la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical, particularmente de una unidad de producción localizada en el municipio de Tihuatlán, Veracruz. El rancho está ubicado en un área tropical de México (Noreste del país), en donde los animales eran alimentados con base en pastoreo, principalmente *Brachiaria brizantha* y *Cynodon plectostachyus*. El sitio presenta clima cálido subhúmedo con lluvias en verano, temperatura media anual entre 24 y 26°C, y un rango de precipitación de 1100 a 1300 mm (7).

Se estimaron las curvas de crecimiento de hembras Romosinuano, mediante información que provino de 127 animales nacidos entre 2001 y 2018, considerando un total de 928 registros de peso vivo y edad. Los registros de peso vivo y edad se realizaban a lo largo de la vida de los animales: al momento del nacimiento y destete de las becerras (aproximadamente a los ocho meses de edad) (8), y durante las palpaciones para verificar gestación posterior al empadre y previo a cada parto. Las hembras consideradas tuvieron en promedio 7.3 registros por animal y al menos tres registros.

La información para realizar los análisis reproductivos provino de 113 vacas con registros de parto entre 2004 y 2019, considerando un total de 459 registros. Las variables reproductivas

consideradas fueron la edad al primer parto (EPP), el intervalo entre partos (IEP) y la tasa de pariciones (TP), y en los análisis finales sólo se consideraron registros de animales dentro de  $\pm 3\sigma$  de la media. Para el análisis de la EPP se utilizaron registros de 113 vacas, agrupadas en 31 grupos contemporáneos (año y estación de parto). Se definieron dos estaciones de parto, lluvias (junio a noviembre) y secas (diciembre a mayo). Para los análisis de IEP y TP, se utilizaron 346 registros de partos en 81 vacas, agrupados en 28 grupos contemporáneos (año-estación de parto), con lo que se tuvo un promedio de 4.3 partos por vaca. Los números de registros para calcular los intervalos entre partos fueron 74 del primero al segundo, 70 del segundo al tercero, 53 del tercero al cuarto, 48 del cuarto al quinto, y 101 intervalos con vacas de quinto parto o más.

**Análisis de crecimiento.** Los análisis estadísticos para ajustar las curvas de crecimiento fueron realizados mediante los modelos no lineales mixtos siguientes:

$$\begin{aligned} \text{Brody: } y_{ij} &= f(t_{ij}; \varphi_i) + \varepsilon_{ij} = A_i(1 - be^{-kt}) + \varepsilon_{ij} \\ \text{Logístico: } y_{ij} &= f(t_{ij}; \varphi_i) + \varepsilon_{ij} = A_i / (1 + be^{-kt}) + \varepsilon_{ij} \\ \text{Von Bertalanffy: } y_{ij} &= f(t_{ij}; \varphi_i) + \varepsilon_{ij} = A_i(1 - be^{-kt})^3 + \varepsilon_{ij} \\ \text{Gompertz: } y_{ij} &= f(t_{ij}; \varphi_i) + \varepsilon_{ij} = A_i(e^{-be^{-kt}}) + \varepsilon_{ij} \end{aligned}$$

Las suposiciones en los modelos fueron:  $\varphi_i = \varphi_p + \eta_i$ ,  $\eta_i \sim N(0, \Omega)$ ,  $\varepsilon_{ij} \sim N(0, \sigma_\varepsilon^2)$ , donde  $y$  es el peso corporal del animal en kilogramos,  $t$  es la edad del animal en días,  $e$  es la base del logaritmo natural,  $A$  es el peso maduro o asintótico en kilogramos,  $b$  es una constante de integración,  $k$  es la tasa de madurez del animal,  $\varphi_p$  y  $\eta_i$  son los vectores de efectos fijos y aleatorios respectivos en los parámetros  $A$  y  $k$ ,  $\Omega$  es la matriz de (co)varianzas de los efectos aleatorios,  $\varepsilon_{ij}$  es el residual, y  $\sigma_\varepsilon^2$  es la varianza del residual.

Para definir qué modelo de crecimiento utilizar en el cálculo de indicadores del crecimiento, se realizaron pruebas de bondad de ajuste utilizando el criterio de información de Akaike (AIC), el criterio de información Bayesiano (BIC), y el logaritmo de máxima verosimilitud (logL), escogiendo el mejor modelo como aquél con menores valores de AIC y BIC, y con mayor valor de logL. En los cuatro modelos de crecimiento comparados en este estudio, los parámetros relacionados con el peso asintótico ( $A$ ) y la tasa de madurez ( $k$ ) se ajustaron como efectos aleatorios, dada la consideración de la parte fija más la aleatoria. Las estimaciones de parámetros y componentes de (co)varianza se estimaron mediante máxima verosimilitud, utilizando el procedimiento nlme (9) en el software R (10). Con los parámetros estimados del mejor modelo, se calcularon los indicadores de crecimiento de edad (EPI) y peso (PPI) al punto de inflexión (con excepción del modelo de Brody), edad al 50% de madurez (E50M) y porcentaje de madurez a los 18 meses de edad (PM18) (Tabla 1).

**Análisis reproductivo.** Las variables de edad al primer parto (EPP), intervalo entre partos (IEP) y tasa de pariciones (TP) fueron evaluadas como características reproductivas de las vacas. Para el análisis de EPP se consideraron los efectos de grupo contemporáneo (clases formadas con año y estación de parto) y la covariable del peso estimado al parto (generado a partir del modelo de Brody). Para el análisis de IEP se consideraron los efectos incluidos en EPP, además del número de parto como covariable, y los efectos aleatorios de semental y vaca. Para ambas variables de respuesta se evaluó la significancia de los efectos fijos considerados en los modelos ( $p < 0.05$ ), con el propósito principal de ajustarlas por esos efectos ambientales. Los modelos se ajustaron por máxima verosimilitud restringida mediante el paquete de R lme4 (11).

**Tabla 1.** Indicadores de crecimiento a partir de los modelos no lineales evaluados para el crecimiento de vacas de la raza Romosinuano.

Modelo <sup>a</sup>	EPI <sup>b</sup>	PPI <sup>c</sup>	E50M <sup>d</sup>	PM18 <sup>e</sup>
Brody	-	-	$\ln(0.5/b)/-k$	$1 - be^{-k(547)}$
Logístico	$(\ln b)/k$	$A/2$	$\ln(1/b)/-k$	$1/(1 + be^{-k(547)})$
Von Bertalanffy	$(\ln 3b)/k$	$28A/27$	$\ln((\sqrt[3]{0.5} - 1)/-b)/-k$	$(1 - be^{-k(547)})^3$
Gompertz	$(\ln b)/k$	$Ae^{-1}$	$\ln(\ln(0.5)/-b)/-k$	$e^{-b(e^{-k(547)})}$

<sup>a</sup>A= peso maduro del animal;  $b$ = constante de integración;  $k$ = tasa de madurez del animal. <sup>b</sup>EPI= edad al punto de inflexión. <sup>c</sup>PPI= peso al punto de inflexión. <sup>d</sup>E50M= edad al 50% de madurez. <sup>e</sup>PM18= porcentaje de madurez a los 18 meses.

Para estimar la TP, se generó una variable con distribución binaria, codificando como uno cuando la hembra parió, dado que había estado en empadre, y como cero en caso contrario; con el fin de estimar la probabilidad que una vaca esté parida en determinado día después del nacimiento. Para lo anterior, se utilizó un modelo de regresión logística múltiple, usando la función siguiente:

$$E(y) = 1 / (1 + \exp\{\beta_0 - x_1\beta_1 - x_2\beta_2 - x_3\beta_3\})$$

Donde  $\beta_0$  es el intercepto de la regresión,  $\beta_1$  es el parámetro relacionado con la época de parto (lluvias y secas),  $\beta_2$  es el parámetro relacionado con el número de parto (primero, segundo, tercero, cuarto y cinco+ partos), y  $\beta_3$  es el parámetro relacionado con la covariable del día después del parto. La estimación de los parámetros se realizó mediante la metodología de máxima verosimilitud, utilizando el paquete glm2 (12) del software R (10).

Para tener puntos de comparación entre diferentes épocas del año y números de partos de las vacas, y para comparar con lo obtenido en estudios similares, se generaron indicadores reproductivos complementarios, estableciendo puntos de corte fijados a momentos específicos. Considerando que el periodo más largo de un animal en este ható para alcanzar el primer parto fue aproximadamente dos años y la expresión de indicadores reproductivos usados para otros estudios, se establecieron los indicadores (usando las probabilidades de vacas paridas a los 550 d y del número de días transcurridos hasta que en el ható ocurría el 50% de los partos): tasa de pariciones a los 550 días (TP550), y días al 50% de partos (D50P).

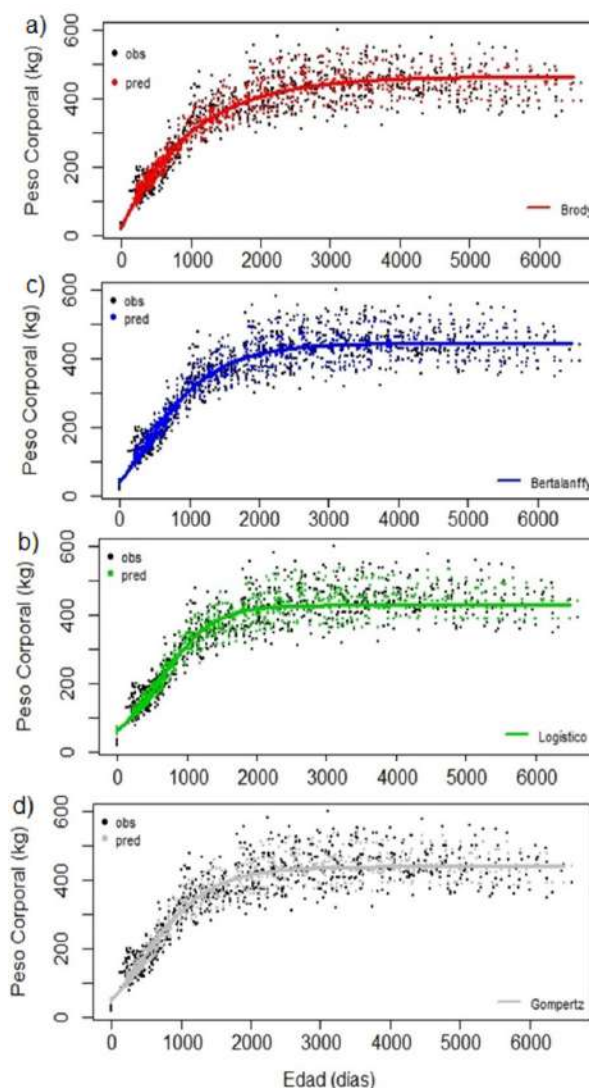
## RESULTADOS

**Análisis de crecimiento.** En la tabla 2 se presentan las estimaciones de los parámetros y componentes de (co)varianza para el análisis de crecimiento en los cuatro modelos no lineales mixtos estudiados. Con base en las estimaciones de los parámetros de crecimiento y los componentes de (co)varianza aleatorios, se ajustaron los modelos para predecir y describir el peso de los animales a través del tiempo, para cada uno de los modelos evaluados (Figura 1). En general, los cuatro modelos describieron de forma apropiada las curvas de comportamiento del crecimiento a través del tiempo.

**Tabla 2.** Parámetros<sup>a</sup> (Parám) estimados para los modelos no lineales evaluados en el ganado Romosinuano.

Parám	Brody	Logístico	Gompertz	Von Bertalanffy
A	466.16 ±6.48	430.17 ±5.75	441.46 ±5.73	447.15 ±5.80
b	0.94 ±0.006	5.45 ±0.200	2.14 ±0.420	0.53 ±0.008
K	0.001 ±0.00	0.002 ±0.00	0.001 ±0.00	0.001 ±0.00
$\sigma_A^2$	4.81	4.90	4.66	4.62
$\sigma_K^2$	0.0002	0.0005	0.0003	0.0003
$\sigma_\epsilon^2$	2.92	3.09	2.96	2.92

<sup>a</sup>A = peso maduro del animal (kg); b = constante de integración; k = tasa de madurez del animal;  $\sigma_A^2$  = varianza del peso asintótico (maduro) del animal;  $\sigma_K^2$  = varianza de la tasa de madurez del animal;  $\sigma_\epsilon^2$  = varianza residual.



**Figura 1.** Ajuste de diferentes modelos no lineales para curvas de crecimiento en ganado Romosinuano (a) Brody, b) Logístico, c) Gompertz, y d) Von Bertalanffy).



En la tabla 3 se describen los resultados para los indicadores de bondad de ajuste utilizados en la selección del mejor modelo. Con base en los valores de los criterios de información de Akaike, Bayesiano (el menor es mejor) y el logaritmo de máxima verosimilitud (el mayor es mejor), el modelo que presentó mejor ajuste fue el modelo de Brody, seguido de los modelos Logístico y Gompertz, y por último Von Bertalanffy.

**Tabla 3.** Pruebas de ajuste para los modelos seleccionados de curvas de crecimiento en hembras Romosinuano.

Modelo	AIC <sup>a</sup>	BIC <sup>b</sup>	logL <sup>c</sup>
Brody	9233.71	9267.54	-4609.85
Von Bertalanffy	9350.88	9384.71	-4668.44
Logístico	9239.51	9273.34	-4612.75
Gompertz	9265.53	9299.36	-4625.76

<sup>a</sup>AIC= Criterio de Información de Akaike. <sup>b</sup>BIC= Criterio de Información Bayesiano. <sup>c</sup>logL= Logaritmo de Máxima Verosimilitud.

Los parámetros estimados sirvieron para calcular indicadores como EPI y PPI de la función, los cuales fueron de 628 d y 215 kg, 309 d y 132 kg, y 418 d y 162 kg para los modelos Logístico, Von Bertalanffy y Gompertz, respectivamente. La E50M y el PM18 estimados para las hembras Romosinuano fueron muy similares en los modelos estudiados, con valores de 634 d y 45.42%, 628 d y 44.54%, 619 d y 45.54%, y 620 d y 45.31%, para los modelos de Brody, Logístico, von Bertalanffy y Gompertz, respectivamente.

**Análisis reproductivo.** Las medias de EPP e IEP fueron 1059 ( $\pm 282$ ) y 553 ( $\pm 68$ ) días. Como era de esperarse, los grupos contemporáneos afectaron a ambas variables ( $p < 0.05$ ). El peso al parto de la vaca afectó la EPP e IEP ( $p < 0.05$ ). Las vacas con menor peso maduro fueron más precoces (1.8 d/kg) y presentaron EPP más temprana. Para IEP, un mayor número de partos significó menores valores para esta variable (-11.23 d por cada parto); mientras que un menor peso estimado al momento del parto significó un mayor IEP (-0.10 d/kg).

Las estimaciones de los parámetros para la regresión logística múltiple en tasa de pariciones resultaron significativas ( $p < 0.01$ ) y los valores se presentan en la tabla 4. Los indicadores reproductivos TP550 y D50P se dividieron para los grupos de época de lluvias y secas, así como para los grupos de número de parto (tabla 5). En general, cuando los partos se presentaron en

temporada de lluvias, las hembras mostraron de 5.5 a 12.3% mejor desempeño reproductivo en la variable TP550, dependiendo el número de parto que presentaba la hembra. La variable D50P se redujo 34 días por cada aumento en el número de parto de la hembra, y 32 días si se presentaba el parto anterior en temporada de lluvias.

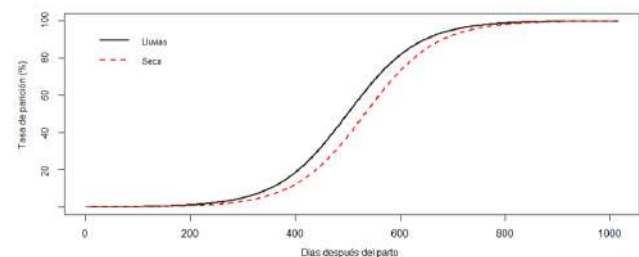
**Tabla 4.** Parámetros estimados para regresión logística múltiple en tasa de pariciones de hembras Romosinuano.

Parámetro	Estimación	p-valor
Intercepto	-8.3920 $\pm$ 0.038	<0.001
Día	0.0014 $\pm$ 0.000	<0.001
Época	0.0498 $\pm$ 0.014	<0.001
Número de parto	0.4773 $\pm$ 0.005	<0.001

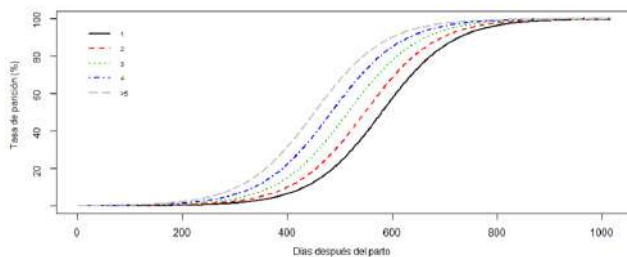
**Tabla 5.** Tasa de parición a los 550 días (TP550) y número de días al 50% de pariciones (D50P) en hembras Romosinuano.

Partos	TP550 (%)		D50P (d)	
	Lluvias	Secas	Lluvias	Secas
1	45.1	33.3	563	597
2	57.0	44.6	531	565
3	68.1	56.5	499	533
4	77.5	67.7	467	501
5+	84.8	77.1	435	469

La TP promedio a los 550 d fue  $74 \pm 19\%$ . La TP fue afectada ( $p < 0.05$ ) por la época de parto anterior (Figura 2), siendo mayores TP cuando el parto anterior fue en lluvias. Las diferencias de la TP entre diferentes números de parto se muestran en la Figura 3, siendo las TP mayores conforme aumentó el número de parto ( $p < 0.05$ ).



**Figura 2.** Tasa de pariciones de hembras Romosinuano con partos en diferente época.



**Figura 3.** Tasa de pariciones en hembras Romosinuano con diferente número de partos.

## DISCUSIÓN

La caracterización de la curva de crecimiento en las hembras Romosinuano usando modelos no lineales, presentó un mejor ajuste cuando se incluyó en su estructura los efectos aleatorios de peso maduro y de la tasa de madurez. Otros estudios relacionados con el ajuste de modelos no lineales en la producción animal, también han presentado mejor ajuste cuando se incluyen efectos aleatorios al modelo, tanto en modelos de curvas de crecimiento (13) como de lactancia (14). Esto indica la importancia del efecto individual de los animales en la expresión de su producción.

Con base en los resultados de las pruebas de bondad de ajuste, el mejor modelo para describir la curva de crecimiento en hembras Romosinuano fue el modelo de Brody. En otros estudios con ganado bovino, el modelo de Brody también ha sido el más apropiado para ajustar su patrón de crecimiento (15,16,17). El modelo de Brody ha sido el más frecuentemente utilizado para caracterizar el crecimiento de ganado bovino, debido, en parte, a que posee una interpretación biológica que facilita la descripción del crecimiento de los animales.

La comparación directa de los valores en los parámetros de crecimiento obtenidos con los diferentes modelos no es posible, dado que miden aspectos ligeramente diferentes; sin embargo, el parámetro para estimar el peso maduro considera una interpretación biológica similar. A pesar de la gran variabilidad entre las estimaciones de EPI y PPI en los modelos estudiados, las estimaciones de peso maduro variaron poco entre los modelos (430 a 466 kg), lo que indica cierta constancia en cercanía del valor estimado con el real, independientemente del modelo utilizado. El valor estimado de  $A$ , relativamente pequeño, sugiere que la madurez de las hembras de esta raza podría ubicarse en

edades tempranas de la vida de los animales. Los valores estimados en el presente estudio para peso maduro fueron similares a los reportados por Ramírez et al. (18) para seis grupos de hembras bovinas cruzadas (incluyendo el F1 Romosinuano-Cebú) en condiciones tropicales. Los valores de peso maduro estimados concuerdan con la ubicación de Romosinuano como una raza de talla pequeña a mediana. Esta característica en razas criollas y nativas indica que son animales de menores requerimientos nutricionales comparado con razas de tallas mayores, lo que podría representar también ventajas en características reproductivas para sistemas de producción con restricciones alimenticias (19,20). En este estudio, los componentes de varianza de peso maduro oscilaron entre 61.2 y 62.2% de la varianza total, siendo mayor con el modelo de Brody. La varianza de la tasa de madurez no sobrepasó el 0.06% de la varianza total en todos los modelos.

El modelo de Brody, que produjo el mejor ajuste entre los modelos estudiados, no permite estimar la EPI y PPI, debido a que no tiene punto de inflexión. La alta variabilidad en las estimaciones de estos indicadores dependiendo el modelo utilizado, evidencia la necesidad de utilizar la información del mejor modelo. En los tres modelos donde sí se puede calcular la EPI se obtuvieron edades mayores a las de la edad al destete común de la raza en México (240 d) (8), a diferencia de lo observado en la raza Tropicarne, y en ganado Cebú (16,21). Esto sugiere que el destete en los animales Romosinuano no cesa significativamente la aceleración del crecimiento alrededor de esta edad. La E50M estimada entre 20 y 21 meses y el PM18 cerca del 45%, ubican a este recurso genético como tardío en alcanzar la madurez, comparado con otros recursos genéticos tropicales. Domínguez-Viveros et al. (16) estimaron la E50M y el PM18 de bovinos Tropicarne en México aproximadamente al año de edad y 65%, respectivamente. En general, estos valores relativamente bajos indican que los bovinos en el trópico tienen bajas tasas de madurez.

La media estimada para EPP en este estudio (35.3 meses) fue menor en aproximadamente tres meses a las estimaciones reportadas (22,23) para Romosinuano en Colombia, y mayor en tres meses a la reportada para esta raza en México (24). Sin embargo, contrastando con otras razas en México, fue similar al reportado para la raza Tropicarne (25), y de uno a tres meses menor que los reportados por otros autores con

ganadería tropical (26,27). Vera (28) menciona que se debe procurar que las novillas mantengan bajas ganancias de peso vivo para reducir la edad al primer parto. Por otra parte, Núñez-Domínguez et al. (25) encontraron que vacas de tamaño mediano en la raza Tropicarne eran más precoces que las de tamaño pequeño o grande.

El IEP estimado en este estudio (18.4 meses) fue entre cuatro y cinco meses mayores que los publicados para ganado Romosinuano de Colombia y México (23,24,29), y que los publicados para otras razas bovinas tropicales en México (26,30,31). Para esta variable, es posible que las vacas Romosinuano de este estudio no pudieron satisfacer sus requerimientos nutricionales en el postparto temprano, provocando retrasos en el reinicio de la actividad ovárica postparto; y consecuentemente, generando aumentos en el IEP. Para IEP y TP, el comportamiento de las vacas Romosinuano fue afectado por el número de partos y la época de partos. Los mayores valores de IEP en los primeros partos podría deberse a que se presentan en edades donde las vacas no habían alcanzado su madurez en peso (sólo 67.3 % del peso maduro de la hembra al primer parto). Ossa et al (22,29) estimaron una tendencia a disminuir el IEP cuando se incrementó el número de partos en vacas Romosinuano de Colombia. Asimismo, Mejía-Baustista et al (26) reportaron menores IEP a medida que aumentó el número de partos en animales *Bos taurus*, *Bos indicus* y sus cruza, en condiciones tropicales de México.

En conclusión, los modelos no lineales mixtos utilizados permiten describir adecuadamente el crecimiento de las hembras Romosinuano en el trópico con alimentación basada en pastoreo, aunque el modelo de Brody es más apropiado que los otros. En las condiciones ambientales de la unidad de producción estudiada, esta

población de hembras presenta una tasa de crecimiento lenta, por lo que puede considerarse como raza de tamaño pequeño o mediano; con una aceptable eficiencia reproductiva, considerando las restricciones ambientales y genotipos disponibles en zonas tropicales. La actividad reproductiva es mejor cuando las hembras tienen un mayor porcentaje de peso maduro y se tienen partos en épocas de lluvias. Las hembras Romosinuano con menor tamaño maduro presentan edades al primer parto más temprano que vacas más pesadas.

En general, la caracterización del crecimiento y la aptitud reproductiva de hembras Romosinuano en las condiciones tropicales del hato en estudio, dan una idea de la situación que ocurre en los otros hatos similares que utilizan esta raza en el país, y es complementaria a las estimaciones realizadas con Romosinuano en otros países. Sin embargo, una mayor recolección de información permitiría una caracterización más precisa y representativa del potencial productivo de los hatos Romosinuano en México.

### Conflictos de interés

Los autores declaran no tener conflictos de interés.

### Agradecimientos

Se agradece a la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Criollo Lechero Tropical, A. C. (AMCROLET) por facilitar la información de sus bases de datos para el presente estudio. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por el apoyo económico otorgado al primer autor para realizar estudios de Doctorado en Ciencias en la Universidad Autónoma Chapingo.

## REFERENCIAS






1. Estrada-León RJ, Magaña-Monforte JG, Segura-Correa JC. Estimation of genetic parameters for preweaning growth traits of Brahman cattle in Southeastern Mexico. *Trop Anim Health Prod.* 2014; 46(5):771-776. <https://doi.org/10.1007/s11250-014-0563-z>
2. Renaudeau D, Collin A, Yahav S, de Basilio V, Gourdine JL, Collier RJ. Adaptation to hot climate and strategies to alleviate heat stress in livestock production. *Animal.* 2012; 6(5):707-728. <https://doi.org/10.1017/S1751731111002448>



3. De Alba MJ. El Libro de los Bovinos Criollos de América. Distrito Federal, México: Biblioteca Básica de Agricultura (BBA); 2011.
4. Domínguez-Viveros J, Ortega-Gutiérrez JA, Rodríguez-Almeida FA, Callejas-Juárez N, Aguilar-Palma NG, Santillán-Moreno E. Ajuste de modelos no lineales para caracterizar el crecimiento de bovinos Hereford y Salers. Rev Científ FCV-LUZ. 2014; 24(5):436-442. <https://produccioncientificaluz.org/index.php/cientifica/article/view/11802/11792>
5. Ossa SGA, Narváez PHJ, Noriega MJG, Pérez GJE, Vergara GOD. Parámetros y tendencias genéticas para características de crecimiento en una población de ganado criollo Romosinuano. Livest Res Rural Develop. 2014; 26:10. <http://www.lrrd.org/lrrd26/10/ossa26191.html>
6. Núñez-Domínguez R, Martínez-Rocha RE, Hidalgo-Moreno JA, Ramírez-Valverde R, García-Muñiz JG. Evaluation of the Romosinuano cattle population structure in Mexico using pedigree analysis. Rev Colomb Cienc Pec. 2020; 33(1):44-59. <https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v32n4a05>
7. INEGI. Mapas de climatología de México. Prontuario de información geográfica municipal de los Estados Unidos Mexicanos: 2019. [Consultado 15 oct 2019]. <https://www.inegi.org.mx/temas/mapas/climatologia/>
8. Martínez RRE, Ramírez VR, Núñez DR, García MJG. Parámetros y tendencias genéticas de variables de crecimiento para bovinos Romosinuano en México. Nova Scientia. 2018; 10(2):310-325. <https://doi.org/10.21640/ns.v10i21.1595>
9. Pinheiro J, Bates D, DebRoy S, Sarkar D. (2016). R Core Team (2016) nlme: Linear and nonlinear mixed effects models R package version 3.1-127. Vienna Austria: R Foundation for Statistical Computing. <https://CRAN.R-project.org/package=nlme>
10. R Core Team. R: A language and environment for statistical computing [Internet]. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing; 2014. <https://www.R-project.org/>
11. Bates D, Mächler M, Bolker B, Walker S. Fitting linear mixed-effects models using lme4. Journal of Statistical Software. 2015; 67(1):1-48. <https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>
12. Marschner IC. glm2: Fitting generalized linear models with convergence problems. The R Journal. 2011; 3(2):12-15. [https://journal.r-project.org/archive/2011-2/RJournal\\_2011-2\\_Marschner.pdf](https://journal.r-project.org/archive/2011-2/RJournal_2011-2_Marschner.pdf)
13. Domínguez-Viveros J, Urbina-Valenzuela AR, Palacios-Espinosa A, Callejas-Juárez N, Ortega-Gutiérrez JA, Espinoza-Villavicencio JL et al. Caracterización del crecimiento de bovinos Cebú en pruebas de comportamiento en pastoreo. Ecosist Rec Agropec. 2017; 4(11):341-348. <http://dx.doi.org/10.19136/era.a4n11.1149>
14. Palacios-Espinosa A, Domínguez-Viveros J, Padrón-Quintero Y, Rodríguez-Castro M, Rodríguez-Almeida FA, Espinoza-Villavicencio JL et al. Caracterización de la curva de lactancia de bovinos Siboney con modelos no lineales mixtos. Rev Mex Cienc Pecu. 2016; 7(2):233-242. <https://cienciaspecuarias.inifap.gob.mx/index.php/Pecuarias/article/view/4176/3437>
15. Posada OS, Rosero NR, Rodríguez N, Costa CA. Estimación de parámetros de curvas de crecimiento de ganado Nellore criado en confinamiento. Rev MVZ Córdoba. 2011; 16(3):2701-2710. <https://doi.org/10.21897/rmvz.271>
16. Domínguez-Viveros J, Rodríguez-Almeida FA, Núñez-Domínguez R, Ramírez-Valverde R, Ortega-Gutiérrez JA, Ruíz-Flores A. Ajuste de modelos no lineales y estimación de parámetros de crecimiento en bovinos Tropicarne. Agrociencia. 2013; 47(1):25-34. <https://agrociencia-colpos.mx/index.php/agrociencia/article/view/999>
17. Rincón FJC, Quintero PJF. Comparación de modelos no lineales para describir el crecimiento en ganado Blanco Orejinegro (BON). Rev CES Med Zootec. 2015; 10(1):31-37. <http://revistas.ces.edu.co/index.php/mvz/article/view/3472>

18. Ramírez EJ, Cerón MMF, Herrera AC, Vergara OD, Arboleda EM, Restrepo BLF. Crecimiento de hembras cruzadas en el trópico colombiano. *Rev Colomb Cienc Pec.* 2009; 22(4):642-647. <https://revistas.udea.edu.co/index.php/rccp/article/view/324498/20781674>
19. Chin-Colli RC, Estrada-León R, Magaña-Monforte J, Segura-Correa J, Nuñez-Domínguez R. Genetic parameters for growth and reproductive traits of Brown Swiss cattle from Mexico. *Ecosist Rec Agropec.* 2016; 3(7):11-20. <http://era.ujat.mx/index.php/rera/article/view/167/689>
20. Villaseñor GF, De la Torre SJF, Martínez VG, Álvarez GH, Pérez RS, Palacios FJA et al. Caracterización de la respuesta ovárica a la superovulación en bovino Criollo Coreño utilizando dosis reducidas de FSH. *Rev Mex Cienc Pecu.* 2017; 8(3):225-232. <https://cienciaspecuarias.inifap.gob.mx/index.php/Pecuarias/article/view/4498/3740>
21. Herrera RAC, Vergara GOD, Cerón MMF, Agudelo-Gómez D, Arboleda ZEM. Curvas de crecimiento en bovinos cruzados utilizando el modelo de Brody. *Livest Res Rural Develop.* 2008; 20(9). <http://www.lrrd.org/lrrd20/9/herr20140.htm>
22. Ossa GA, Suárez MA, Pérez JE. Factores ambientales y genéticos que influyen la edad al primer parto y el intervalo entre partos en hembras de la raza criolla Romosinuano. *Cienc Tecnol Agropecuaria.* 2007; 8(2):74-80. [https://doi.org/10.21930/rcta.vol8\\_num2\\_art:97](https://doi.org/10.21930/rcta.vol8_num2_art:97)
23. Vergara GO, Ossa SG, Cabrera AJ, Simanca SJ, Pérez GJ. Heritabilities and genetic trends for reproductive traits in a population of Romosinuano cattle in Colombia. *Rev MVZ Córdoba.* 2016; 21(1):5250-5257. <https://doi.org/10.21897/rmvz.34>
24. Parra-Cortés RI, Magaña-Magaña MÁ. Características técnico-económicas de los sistemas de producción bovina basados en razas criollas introducidas en México. *Ecosist Rec Agropec.* 2019; 6(18):535-547. <http://era.ujat.mx/index.php/rera/article/view/2160>
25. Núñez-Domínguez R, Hernández-Rodríguez BA, Ramírez-Valverde R, Ruíz-Flores A, García-Muñiz JG, López-Ordaz R. Productividad de vacas Tropicarne con diferente potencial genético para peso corporal al primer servicio. *Rev Científ FCV-LUZ.* 2010; 20(6):640-648. <https://produccioncientificaluz.org/index.php/cientifica/article/view/15610/15584>
26. Mejía-Baustista GT, Magaña JG, Segura-Correa JC, Delgado R, Estrada-León RJ. Comportamiento reproductivo y productivo de vacas *Bos indicus*, *Bos taurus* y sus cruces en un sistema de producción vaca:cría en Yucatán, México. *Trop Subtrop Agroecosys.* 2010; 12(2):289-301. <http://www.revista.coba.uady.mx/ojs/index.php/TSA/article/view/403/375>
27. Ríos-Utrera Á, Villagómez-Amezcuca ME, Zárate-Martínez JP, Calderón-Robles RC, Vega-Murillo VE. Análisis reproductivo de vacas Suizo Pardo x Cebú y Simmental x Cebú en condiciones tropicales. *Revista MVZ Córdoba.* 2020; 25(1):e1637. <https://doi.org/10.21897/rmvz.1637>
28. Vera RR. Genotipo, nutrición, reproducción del ganado de doble propósito. Una revisión selectiva de la literatura. *Arch Latinoam Prod Anim.* 1998; 6(Suplemento 1):55-70.
29. Ossa SG, Suárez TM, Pérez GJ. Factores ambientales y genéticos relacionados con el intervalo entre partos en la raza Romosinuano. *Rev MVZ Córdoba.* 2006; 11(2):799-805. <https://doi.org/10.21897/rmvz.443>
30. López OR, Díaz HM, García MJG, Núñez DR, López OR, Martínez HPA. Eventos reproductivos de vacas con diferente porcentaje de genes *Bos taurus* en el trópico mexicano. *Rev Mex Cienc Pecu.* 2010; 1(4):325-336. <https://cienciaspecuarias.inifap.gob.mx/index.php/Pecuarias/article/view/1500/1495>
31. Arce RC, Aranda IEM, Osorio AMM, González GR, Díaz RP, Hinojosa CJA. Evaluación de parámetros productivos y reproductivos en un hato de doble propósito en Tabasco, México. *Rev Mex Cienc Pecu.* 2017; 8(1):83-91. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v8i1.4347>

### **3. PREVALENCE OF VARIANTS ASSOCIATED WITH GENETIC DISEASES OF ROMOSINUANO CATTLE IN MEXICO**

Ricardo Emmanuel Martínez-Rocha<sup>1</sup>; Gaspar Manuel Parra-Bracamonte<sup>2</sup>;  
Rodolfo Ramírez-Valverde<sup>1\*</sup>; Rafael Núñez-Domínguez<sup>1</sup>; José Guadalupe  
García-Muñiz<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidad Autónoma Chapingo, Posgrado en Producción Animal, Km 38.5  
Carretera México-Texcoco, CP 56230, Chapingo, México.


<sup>2</sup>Instituto Politécnico Nacional, Centro de Biotecnología Genómica, Boulevard  
del Maestro SN. Esq. Elías Piña, Col. Narciso Mendoza, Reynosa, Tamaulipas,  
México. CP 88710.

\*Correspondencia: [rrv33@hotmail.com](mailto:rrv33@hotmail.com)


# Prevalence of variants associated with genetic diseases of Romosinuano cattle in Mexico

Genetic diseases in Romosinuano cattle


Ricardo E. Martínez-Rocha<sup>1</sup>

 0000-0002-7316-4589


G. Manuel Parra-Bracamonte<sup>2</sup>

 0000-0002-9327-2042


Rodolfo Ramírez-Valverde<sup>1\*</sup>

 0000-0002-3185-8494

Rafael Núñez-Domínguez<sup>1</sup>

 0000-0002-1447-4632

José G. García-Muñiz<sup>1</sup>

 0000-0001-8335-2586

<sup>1</sup>Posgrado en Producción Animal,  
Universidad Autónoma Chapingo,  
Chapingo, México

<sup>2</sup>Centro de Biotecnología Genómica,  
Instituto Politécnico Nacional,  
Reynosa, Tamaulipas, México

\*Corresponding authors:

Email address:

[rrv33@hotmail.com](mailto:rrv33@hotmail.com)

## **Abstract**

The objective was to determine the prevalence of markers associated with genetic diseases in Romosinuano cattle raised in Mexico. Using the genetic disease database at Online Mendelian Inheritance in Animals, 154 diseases reported were considered. Four hundred ninety-six animals were genotyped using the Axiom©BovMDv3 array. Eighty-six markers associated with 49 disease-related genes were found in the SNP array used, of which 11 markers were not monomorphic. Allele and genotypic frequencies of markers associated with the following diseases were estimated: bovine spinal demyelination, bovine dilated cardiomyopathy, syndactyly, citrullinemia, maple syrup urine disease, cardiomyopathy and woolly haircoat syndrome, factor VIII deficiency, neuronal ceroid lipofuscinosis 5,  $\alpha$ -mannosidosis, and familial goiter. Homozygous carriers of the marker g.77675440C>T, related to syndactyly, were identified. The detection of carriers of variants in markers associated with genetic diseases can be beneficial when making mating decisions, supporting the herd's health.

**Keywords:** Criollo cattle, Genetic disorder, Hereditary disease, Molecular diagnosis, SNP

## **Introduction**

The Romosinuano is a bovine Criollo breed developed in Colombia and adapted to the tropics. This breed was introduced to Mexico at the end of the 20th century, and its registration in the Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical (AMCROLET) began in 1998 (1). This population is virtually isolated due to sanitary prohibitions to import animals from Colombia (2). This condition has led to low effective population size (48) and an increase in inbreeding (currently at 2.55%) (1). The inbreeding could fix undesirable alleles such as those related to monogenic diseases if they were found in the population. On the other hand, genetic variations in domestic animals are responsible for approximately 20% of rare diseases (3). It is challenging to detect lethal diseases that cause embryo loss and stillborn without genomic data, even with substantial phenotypic and pedigree data sets, as the cause of these diseases can be chromosomal defects, individual genes, or gene interactions (4).

DNA sequencing techniques provide an opportunity to reduce the frequency of undesirable traits in a population. Structural variations, including DNA insertions,

duplications, deletions, inversions, and translocations, are present in animal genomes and are often associated with diseases (5). By analyzing DNA sequence variation, genes involved with diseases can be identified (6). Genetic control of some diseases in cattle allows reducing their associated cost, improving animal welfare, and providing healthy animal products for consumers (7). The most common mode for transmission of genetic defects is autosomal recessive inheritance, and knowing the prevalence of these diseases benefits the selection of animals for breeding.

In Mexico, studies on the prevalence of genetic diseases in Braunvieh cattle have begun (8). Given the Romosinuano Mexican population's isolation, it is necessary to know the prevalence of hereditary diseases. The objective was to determine the allelic and genotypic frequencies of polymorphisms associated with genetic diseases in Mexican Romosinuano cattle.

## **Materials and methods**

### *Samples for DNA extraction*

Samples of hair follicles were collected from 496 Romosinuano animals registered in AMCROLET. The sampled animals were born between 2003 and 2019, including 49 males and 447 females, from four farms located in Mexico's tropical areas. In general, there is a continuous exchange of genetic material among these farms, and they provide most of the sires, semen, and females, to other breeders (1).

### *DNA genotyping*

Animals were genotyped using 63,791 SNPs from the Axiom©BovMDv3 array from Affymetrix (Santa Clara, CA, USA). One hundred fifty-four diseases reported in OMIA's (Online Mendelian Inheritance in Animals) genetic disease database were considered (9). Eighty-six markers associated with 49 disease-related genes were selected in the SNP array used (Table 1). Genotype frequencies were calculated with the Axiom Analysis Suite v4.0.1 program (10) for the total sampled population and separately for sires and females.

**Table 1. Economically important genetic diseases included in the SNP array used.**

Disease	Gene	Associated gene name	Chr <sup>1</sup>
Abortion due to haplotype BH2	TUBD1	Tubulin delta chain	19
Abortion due to haplotype FH4	SUGT1	Protein SGT1 homolog	12
Abortion due to haplotype HH1	APAF1	Apoptotic peptidase-activating factor 1	5
Abortion due to haplotype HH4	GART	Trifunctional purine biosynthetic protein	1
Abortion due to haplotype JH1	CWC15	Spliceosome-associated protein homolog	15
Abortion due to haplotype MH2	SLC37A2	Glucose-6-phosphate exchanger	29
Achondrogenesis type II	COL2A1	Collagen alpha 1(II)	5
Arachnomelia	SUOX	Sulfite oxidase	5
Axonopathy	MFN2	Mitofusin 2	16
Beta-lactoglobulin, low aberrant expression	PAEP	Progesterone-associated endometrial protein	11
Brachyspina	FANCI	Fanconi anemia group I	21
Cardiomyopathy and woolly haircoat syndrome	PPP1R13L	RelA-associated inhibitor	18
Bovine dilated cardiomyopathy	OPA3	Optic atrophy 3 protein	18
Chediak-Higashi	LYST	Lysosomal trafficking regulator	28
Chondrodysplasia	EVC2	Ellis Van Creveld 2	6
Citrullinaemia	ASS1	Argininosuccinate synthase 1	11
Complex f vertebral malformation	SLC35A3	UDP-N-acetylglucosamine transporter ATPase, Ca <sup>++</sup> transporting, cardiac muscle,	3
Congenital muscular dystonia 1	ATP2A1	fast-twitch 1	25
DUMPS	UMPS	Uridine monophosphate synthetase	1
Developmental duplications	NHLRC2	NHL repeat containing 2	26
Dwarfism, ACAN	ACAN	Aggrecan	21
Dwarfism, Angus	PRKG2	Protein kinase, cGMP-dependent, type II	6
Growth-hormone deficiency	GH1	Growth hormone 1	19
Dwarfism proportionate with inflammatory lesions	RNF11	Ring finger protein 11	3
Ehlers-Danlos syndrome	EPYC	Epiphycan	5
Epidermolysis bullosa	ITGB4	Integrin, beta 4	19
Factor XI	F11	Coagulation factor XI	27
Glycogen storage disease V	PYGM	Phosphorylase, glycogen, muscle	29
Familial goiter	TG	Thyroglobulin	14
Hemophilia A	F8	Coagulation factor VIII	X
Hypotrichosis	KRT71	Keratin 71	5
Hypotrichosis, streaked	TSR2	Ribosome maturation factor ATP-binding cassette, sub-family A member	X
Ichthyosis, fetal	ABCA12	12	2
Leukocyte adhesion deficiency type I	ITGB2	Integrin, beta 2	1
Mannosidosis, alpha	MAN2B1	Mannosidase, alpha, class 2B, member 1 branched-chain keto acid dehydrogenase	7
Maple syrup urine disease	BCKDHA	E1, alpha polypeptide	18
Mucopolysaccharidosis IIIB	NAGLU	N-acetylglucosaminidase, alpha	19
Myoclonus	GLRA1	Glycine receptor, alpha 1	7
Myopathy of the diaphragmatic muscles	HSPA1A	Heat shock 70kDa protein 1A	23
Neuronal ceroid lipofuscinosis, 5	CLN5	Ceroid-lipofuscinosis neuronal 5	12
Osteopetrosis	SLC4A2	Solute carrier family 4 member 2	4
Protoporphyrria	FECH	Ferrochelatase	24
Ptosis	UBE3B	Ubiquitin protein ligase E3B	17
Spinal demyelination	SPAST	Spastin	11
Spinal muscular atrophy	KDSR	3-ketodihydrosphingosine reductase Low-density lipoprotein receptor-related	24
Syndactyly (mule foot)	LRP4	protein 4	15
Tail, crooked	MRC2	Mannose receptor C type 2	19
Thrombopathia	RASGRP2	RAS guanyl releasing protein 2	29
Trimethylaminuria	FMO3	Flavin containing monooxygenase 3	16

Chr: chromosome.

**Table 2. Allele and genotypic marker frequencies previously associated with genetic diseases present in the Romosinuano population.**

Disease <sup>1</sup>	Symbol <sup>2</sup>	Chr <sup>3</sup>	Variation	Variant type	FAM <sup>4</sup>	Genotypic frequencies <sup>5</sup>			
						AA	AB	BB	
CT	ASS1	11	100802781C>T	nonsense	T	0.214	0.573	0.427	0.000
					♂	0.033	0.933	0.067	0.000
					♀	0.236	0.528	0.472	0.000
MSUD	BCKDHA	18	50837932C>T	missense	T	0.044	0.912	0.088	0.000
					♂	0.011	0.978	0.022	0.000
					♀	0.048	0.905	0.095	0.000
CLN5	CLN5	12	52461241insG	insertion	T	0.001	0.998	0.002	0.000
					♂	0.000	1.000	0.000	0.000
					♀	0.001	0.998	0.002	0.000
F8	F8	X	38971744T>A	missense	T	0.001	0.998	0.002	0.000
					♂	0.000	1.000	0.000	0.000
					♀	0.001	0.998	0.002	0.000
MF	LRP4	15	77675440C>T	missense	T	0.198	0.640	0.323	0.036
					♂	0.173	0.653	0.347	0.000
					♀	0.201	0.639	0.321	0.040
MF	LRP4	15	77682052G>A	missense	T	0.167	0.665	0.335	0.000
					♂	0.261	0.477	0.523	0.000
					♀	0.156	0.688	0.312	0.000
α-M	MAN2B1	7	13956640G>A	missense	T	0.001	0.998	0.002	0.000
					♂	0.000	1.000	0.000	0.000
					♀	0.001	0.998	0.002	0.000
BDCM	OPA3	18	53546443C>T	nonsense	T	0.007	0.986	0.014	0.000
					♂	0.010	0.980	0.020	0.000
					♀	0.007	0.987	0.013	0.000
CWH	PPP1R13L	18	53440861dupACAGGCG	insertion	T	0.100	0.801	0.199	0.000
					♂	0.213	0.575	0.425	0.000
					♀	0.088	0.823	0.177	0.000
BSD	SPAST	11	14760164G>A	missense	T	0.126	0.749	0.251	0.000
					♂	0.000	1.000	0.000	0.000
					♀	0.143	0.715	0.285	0.000
GF	TG	14	9487845C>T	nonsense	T	0.082	0.836	0.164	0.000
					♂	0.043	0.913	0.087	0.000
					♀	0.086	0.827	0.173	0.000

<sup>1</sup>CT: citrullinaemia; MSUD: maple syrup urine disease; CLN5: neuronal ceroid lipofuscinosis 5; F8: hemophilia A; MF: syndactyly (mule foot); α-M: alpha-mannosidosis; BDCM: bovine dilated cardiomyopathy; CWH: cardiomyopathy and woolly haircoat syndrome; BSD: bovine spinal demyelination; GF: familial goiter. <sup>2</sup>ASS1: argininosuccinate synthase 1; BCKDHA: branched-chain keto acid dehydrogenase E1 alpha polypeptide; CLN5: neuronal ceroid lipofuscinosis 5; F8: coagulation factor VIII; LRP4: LDL receptor-related protein 4; MAN2B1: mannosidase alpha class 2B member 1; OPA3: optic atrophy 3; PPP1R13L: protein phosphatase 1 regulatory subunit 13 like; SPAST: spastin; TG: thyroglobulin. <sup>3</sup>Chr: chromosome; <sup>4</sup>FAM: minor allele frequency. <sup>5</sup>Allele B is the one associated with the disease.



## Results and discussion

Of the 86 markers, after discarding the monomorphic markers, only 11 presented causal allelic variants of 10 diseases in the Romosinuano sampled population. The genetic disorders presented in a polymorphic way in the population were: citrullinemia (CT), maple syrup urine disease (MSUD), neuronal ceroid lipofuscinosis 5 (CLN5), factor VIII deficiency (F8), syndactyly (MF),  $\alpha$ -mannosidosis ( $\alpha$ -M), bovine dilated cardiomyopathy (BDCM), cardiomyopathy and woolly haircoat syndrome (CWH), bovine spinal demyelination (BSD), and familial goiter (GF). Table 2 shows the allelic and genotypic marker frequencies associated with the diseases present in a polymorphic way in the study population. MF was the only disease identified with the homozygous recessive marker; the other disease-related markers were heterozygous.

BSD is a recessive congenital neurodegenerative disease in cattle, characterized by pathological myelin changes in the spinal cord (11). A causal relationship of Gln560>Arg substitution in the SPAST gene was demonstrated in BSD disease (11). In the Romosinuano cattle studied, the marker associated with the gene responsible for BSD was found heterozygous in 25.1% of the population, occurring only in females. The Romosinuano population in Mexico arose mainly from upgrading of genotypes used in the tropics (1); this justifies that Romosinuano in Mexico probably contains genes from Brown Swiss (BS) animals. The appearance of BSD is a problem in BS and European breeds of cattle improved with BS (11). Authors (12) found a relationship between the frequencies of lethal alleles of the reference population and the founder population; they reported 16 individuals carrying the mutant allele in the Austrian BS population. A study (8) using BS from Mexico found a frequency of the marker associated with BSD (0.3%), without showing its clinical form.

CT and MSUD are diseases in which the calf dies between three and five days old (13). These recessive defects are caused by single-nucleotide mutations that change the protein or enzyme's amino acid sequences. A citrullinemia-causing mutation was reported as a C>T transition in the ASS1 gene, altering arginine-86 (CGA) to a nonsense codon (TGA) (14). A study published that a C>T transition in the BCKDHA gene is responsible for MSUD (15). In the present study, the associated markers for CT and MSUD were found heterozygous (43 and 9%), having a high frequency of the alternate allele in CT, and higher frequencies of the unwanted allele in the females for both diseases. A study with BS breed (8) estimated low frequencies (3%) of both markers

associated with CT and MSUD, without showing its clinical form. Since these diseases are lethal at birth, death of calves at birth have likely occurred without being registered by breeders.

The SNP of the PPP1R13L gene, considered as marker related to CWH, was also heterozygous in the study population, with an allelic frequency of 20%, and a higher frequency in sires (47%). CWH is also considered a lethal autosomal recessive disease-specific to Hereford cattle (16); these authors reported homozygosity in the PPP1R13L gene in 13 animals diagnosed with CWH. On the other hand, using homozygosity mapping based on 80 thousand SNP chip, a study obtained negative results in the PPP1R13L gene mutation in two suspected cases of CWH (17).

Mutations related to F8, CLN5, and  $\alpha$ -M were found heterozygous in 0.2% of the population (one individual per disease). For F8, g.38971744T>A substitution resulting in Leu2153>His substitution was identified as the disease-causing mutation (18). Since this gene is on the X chromosome, it is expected to behave as sex-linked inheritance. For CLN5, single base duplication (g.52461241insG) was detected in the study population, which is reported (19) as a causal mutation of the disease. This duplication results in a frameshift, which is predicted to introduce a premature stop codon (19). The  $\alpha$ -M disease was reported in Galloway and Angus cattle, as caused by a different mutation in each breed. In Angus, T961>C transition resulted in Phe321>Leu substitution, and in Galloway G662>A transition resulted in Arg221>His substitution (20). The change 662G>A was found in the present study.

The GF genetic variant was reported for both cattle and goats; the first case was characterized at domestic animals' DNA level (21). In the Romosinuano population, the nonsense changes in position g.9487659A>G in the BTA14 was heterozygous, with 16.4%. This mutation was also detected in Jersey cattle, without phenotypically presenting the disease (22).

BDCM occurs in Holstein, Red Holstein, Fleckvieh, Red Danish, and Red Swedish cattle (23,24). This disorder is due to a nonsense mutation (g.53546443C>T) in the gene for OPA3 (25). This variant appeared in the study population with an allelic frequency of 0.7% (in heterozygous genotypes), with no observed cases of disease-expression. Originally, BDCM was reported as exclusive of Red Holstein and Fleckvieh cattle breeds

(25). Around 2% of Holstein, Red Holstein, and Fleckvieh Swiss bulls currently carry this causative mutation in the OPA3 gene (24).

Bovine MF was shown to segregate as a monogenic recessive trait with incomplete penetrance for many cattle breeds (9). A study reported four families of mutations in the LRP4 gene (protein 4 related to the low-density lipoprotein receptor) associated with syndactyly problems (26). In the present study, SNP (c.3595G>A) that predicts glycine-to-serine exchange of the LRP4 protein (p.Gly1199Ser) was detected as heterozygous (33.5%). A second SNP (c.4940C>T), which produces exchange of proline to lysine, of the LRP4 protein (p.Pro1647Lys), was estimated 3.6 and 32.3% for homozygous and heterozygous genotypes. These markers were associated with haplotypes of Holstein and Simmental breeds (9). In Mexican BS, frequencies of 51.7 and 0.2% of alternate alleles of SNPs (c.241G>A and c.2719G>A) were found in the LRP4 gene, without physical abnormalities (8). It is estimated that up to 20% of animals homozygous for the disease will not have fused claws (27). In a Holstein population, the frequency of carriers reported for MF was 0.1% (4). In the United States of America, using data from the national genetic evaluation of August 2015 (29) reported a frequency of 0.07% MF haplotype Holstein. The prevalence of heterozygous for genetic diseases in the Romosinuano population should be considered in selection programs. Syndactyly in cattle is not considered a lethal disease, as it does not kill affected calves, but they are slaughtered, which results in economic losses (28).

The markers related to F8, CLN5, and  $\alpha$ -M were only found in one individual for each disease, giving the possibility of eliminating such diseases in the population. Given the high frequency of the affected allele in males (26.1, 17.3 and 21.3%) for MF markers (g.77682052G>A and g.77675440C>T) and CWH (g.53440861dupACAGGCG), a selection strategy for sires to reduce it should be considered. In CT, MSUD, BSD, and GF, the unwanted allele's frequency was not greater than 5% in males, so the intensity of selection to reduce it should fall on females.

## **Conclusion**

Markers associated with genetic diseases were found in the Romosinuano cattle population of Mexico. The detection of marker frequencies associated with genetic diseases can be useful when making decisions about animals' matings and improving their health.

## **Acknowledgments**

We thank the Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Criollo Lechero Tropical, A. C. (AMCROLET) for providing information for the present study, and the Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios (CONARGEN) for financial support. We also thank the Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) for the financial support given to the first author to carry out a Doctorate in Science study at Universidad Autónoma Chapingo, Mexico.

## **Conflict of interest**

There were no conflicts of interest.






## **References**

1. Núñez-Domínguez R, Martínez-Rocha RE, Hidalgo-Moreno JA, Ramírez-Valverde R, García-Muñiz JG. Evaluation of the Romosinuano cattle population structure in Mexico using pedigree analysis. *Rev Colomb Cienc Pec.* 2020;33(1):44-59.
2. SENASICA (Servicio Nacional de Sanidad, Inocuidad y Calidad Agroalimentaria). Aplica SAGARPA medidas preventivas ante brote de fiebre aftosa en Colombia [Internet]. 2017 [Cited 2019 Oct 5]. Available at: <https://www.gob.mx/senasica/prensa/aplica-sagarpa-medidas-preventivas-ante-brote-de-fiebre-aftosa-en-colombia>
3. Peters M, Reber I, Jagannathan V, Raddatz B, Wohlsein P, Drögemüller C. DNA-based diagnosis of rare diseases in veterinary medicine: A 4.4 kb deletion of ITGB4 is associated with epidermolysis bullosa in Charolais cattle. *BMC Vet Res.* 2015;11(1):48.
4. VanRaden PM, Miller RH. Effects of nonadditive genetic interactions, inbreeding, and recessive defects on embryo and fetal loss by seventy days. *J Dairy Sci.* 2006; 89:2716–2721.
5. Fadista J, Thomsen B, Holm LE, Bendixen C. Copy number variation in the bovine genome. *BMC Genomics.* 2010;11(1):284.

6. Vignal A, Milan D, SanCristobal M, Eggen A. A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genet Sel Evol.* 2002;34:275–305.
7. Ahmed S, Khosa AN. An introduction to DNA technologies and their role in livestock production: A review. *J Anim Plant Sci.* 2010;20:305-314.
8. Zepeda-Batista JL, Parra-Bracamonte GM, Núñez-Domínguez R, Ramírez-Valverde R, Ruíz-Flores A. Screening genetic diseases prevalence in Braunvieh cattle. *Trop Anim Health Prod.* 2019;51:25-31.
9. OMIA (Online Mendelian Inheritance in Animals). Sidney School of Veterinary Science, Australia. 2019 [Cited 2020 Apr 20]. Available at: <https://omia.org/home>.
10. Applied Biosystems. Axiom Analysis Suite 4.0.1 User Guide 2018. Available at: <https://www.thermofisher.com/us/en/home/life-science/microarray-analysis/microarray-analysis-instruments-software-services/microarray-analysis-software/axiom-analysis-suite.html>. Accessed Sep 2, 2019.
11. Thomsen B, Nissen PH, Agerholm JS, Bendixen C. Congenital bovine spinal dysmyelination is caused by a missense mutation in the SPAST gene. *Neurogenetics.* 2010;11(2):175-183.
12. Manatrion S, Egger-Danner C, Baumung R. Estimating lethal allele frequencies in complex pedigrees via gene dropping approach using the example of Brown Swiss cattle. *Arch Tierzucht.* 2009;52(3):230-242.
13. Windsor P, Kessell A, Finnie J. Neurological diseases of ruminant livestock in Australia. V: Congenital neurogenetic disorders of cattle. *Aust Vet J.* 2011;89:394-401.
14. Dennis JA, Healy PJ, Beaudet AL, O'brien WE. Molecular definition of bovine argininosuccinate synthetase deficiency. *P Natl Acad Sci USA.* 1989;86:7947-7951.
15. Dennis JA, Healy PJ. Definition of the mutation responsible for maple syrup urine disease in Poll Shorthorns and genotyping Poll Shorthorns and Poll Herefords for maple syrup urine disease alleles. *Res Vet Sci.* 1999;67:1-6.
16. Simpson MA, Cook RW, Solanki P, Patton MA, Dennis JA Crosby AH. A mutation in NFκB interacting protein 1 causes cardiomyopathy and woolly haircoat syndrome of Poll Hereford cattle. *Anim Genet.* 2009;40:42-46.
17. Tammen I, Woolley SA, Tsimnadis ER, Nowak N, Tulloch RL, Khatkar MS. Challenges in the investigation of eight inherited diseases in ruminants-An Australian perspective. *J Anim Sci.* 2016;94(Suppl. 4):173-173.

18. Khalaj M, Abbasi AR, Shimojo K, Moritomo Y, Yoneda K, Kunieda T. A missense mutation (p.Leu2153His) of the factor VIII gene causes cattle haemophilia A. *Anim Genet.* 2009;40:763-765.
19. Houweling PJ, Cavanagh JA, Palmer DN, Frugier T, Mitchell NL, Windsor PA, Raadsma HW, Tammen I. Neuronal ceroid lipofuscinosis in Devon cattle is caused by a single base duplication (c.662dupG) in the bovine CLN5 gene. *Biochim Biophys Acta Mol Basis Dis.* 2006;1762:890-897.
20. Tollersrud OK, Berg T, Healy P, Evjen G, Ramachandran U, Nilssen O. Purification of bovine lysosomal alpha-mannosidase, characterization of its gene and determination of two mutations that cause alpha-mannosidosis. *Eur J Biochem.* 1997;246:410-419.
21. Nicholas FW, Hobbs M. Mutation discovery for Mendelian traits in non-laboratory animals: A review of achievements up to 2012. *Anim Genet.* 2014;45:157-170.
22. Czech B, Frąszczak M, Mielczarek M, Szyda J. Identification and annotation of breed-specific single nucleotide polymorphisms in *Bos taurus* genomes. *PLOS One.* 2018;13(6):e0198419.
23. Leifsson PS, Agerholm JS. Familial occurrence of bovine dilated cardiomyopathy in Denmark. *J Vet Med.* 2004;51(7-8):332-335.
24. Riedi AK, Drögemüller C, Gurtner C, Meylan M. Bovine dilatative Kardiomyopathie: Altbekannt und dennoch gegenwärtig. *Schweiz Arch Tierheilkd.* 2018;160(5):289-293.
25. Owczarek-Lipska M, Plattet P, Zipperle L, Drögemüller C, Posthaus H, Dolf G, Braunschweig MH. A nonsense mutation in the optic atrophy 3 gene (OPA3) causes dilated cardiomyopathy in Red Holstein cattle. *Genomics.* 2011;97(1):51-57.
26. Drögemüller C, Leeb T, Harlizius B, Tammen I, Distl O, Höltershinken M, Gentile A, Duchesne A, Eggen A. Congenital syndactyly in cattle: four novel mutations in the low density lipoprotein receptor-related protein 4 gene (LRP4). *BMC Genet.* 2007;8(1):5.
27. Duchesne A, Gautier M, Chadi S, Grohs C, Floriot S, Gallard Y, Caste G, Ducos A, Eggen A. Identification of a doublet missense substitution in the bovine LRP4 gene as a candidate causal mutation for syndactyly in Holstein cattle. *Genomics.* 2006;88(5):610-621.
28. Cole JB, Null DJ, VanRaden PM. Phenotypic and genetic effects of recessive haplotypes on yield, longevity, and fertility. *J Dairy Sci.* 2016;99:7274-7288.

#### **4. DIVERSITY AND POPULATION STRUCTURE OF CRIOLLO LECHERO TROPICAL AND ROMOSINUANO CATTLE BREEDS IN MEXICO**

Ricardo Emmanuel Martínez-Rocha<sup>1</sup>; Gaspar Manuel Parra-Bracamonte<sup>2</sup>;  
Rodolfo Ramírez-Valverde<sup>1\*</sup>; Rafael Núñez-Domínguez<sup>1</sup>; José Guadalupe  
García-Muñiz<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidad Autónoma Chapingo, Posgrado en Producción Animal, Km 38.5  
Carretera México-Texcoco, CP 56230, Chapingo, México.

<sup>2</sup>Instituto Politécnico Nacional, Centro de Biotecnología Genómica, Boulevard  
del Maestro SN. Esq. Elías Piña, Col. Narciso Mendoza, Reynosa, Tamaulipas,  
México. CP 88710.

\*Correspondencia: rafael.nunez@correo.chapingo.mx

## Diversity and population structure of Criollo Lechero Tropical and Romosinuano cattle breeds in Mexico

Ricardo E. Martínez-Rocha<sup>a</sup>, Gaspar Manuel Parra-Bracamonte<sup>b</sup>, Rodolfo Ramírez-Valverde<sup>a</sup>, Rafael Núñez-Domínguez<sup>a\*</sup>, José G. García-Muñiz<sup>a</sup>

<sup>a</sup>Posgrado en Producción Animal, Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo, 56230, Chapingo, México

<sup>b</sup>Laboratorio de Biotecnología Animal, Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, 88710, Reynosa, México.

Email addresses:

Ricardo E. Martínez-Rocha: ricardo1012058.8@gmail.com

Gaspar Manuel Parra-Bracamonte: gparra@ipn.mx

Rodolfo Ramírez-Valverde: rrv33@hotmail.com

Rafael Núñez-Domínguez: rafael.nunez@correo.chapingo.mx

José G. García-Muñiz: jgarciampapa@hotmail.com

\*Corresponding Author: Rafael Núñez-Domínguez:  
rafael.nunez@correo.chapingo.mx

### Abstract

The study provides essential information within and across breeds genetic diversity useful for developing conservation or genetic improvement programs in cattle populations. The objective was to assess the genetic diversity and population structure of Criollo Lechero Tropical (CLT) and Romosinuano cattle breeds from Mexico and compare them with other creole and Spanish cattle breeds populations. The study included CLT and Romosinuano samples genotyped with the 65k Axiom©BovMDv3 array. Genomic data of creole and Spanish breeds were retrieved from a public repository. Observed and expected heterozygosity, inbreeding coefficient, and effective population size were estimated. Genetic diversity across breeds was evaluated by pairwise Wright's  $F_{ST}$ , principal components, and structure analysis. Observed and expected heterozygosity, inbreeding coefficient, and effective population size were 0.31, 0.30, -0.018, and 56 in CLT, and 0.32, 0.31, -0.023, and 99 in Romosinuano,



respectively. Wright's  $F_{ST}$  indicated that both breeds are related to American creole cattle and some native Spanish cattle. Principal components confirmed this relationship. The structure analysis suggested that Romosinuano cattle show more significant Spanish ancestry than CLT. The present study presents novel evidence indicating that, although these breeds' effective population size is small, they are still diverse and can be used as genetic reservoirs in conservation programs.

**Keywords:** Ancestry; Creole cattle; divergence; effective population size.

## 1. Introduction

The assessment of genetic diversity, population structure, and within and across breeds relationships is essential for the development of conservation and genetic improvement programs of cattle populations [1]. The genomic data of the populations, export, divergence, and admixture in domestic cattle can be precisely established [2]. Genetic markers have been used worldwide to assess genetic variation between cattle breeds concerning their geographical origin. The single nucleotide polymorphism or SNP markers have been used to develop highly informative and density-based microarray technology called Chip SNP [3]. SNPs availability has been advantageous to assess genetic diversity and estimate phylogenetic relationships [2].

The creole cattle breeds from the Americas have their ancestral sources in Spanish breeds from New World's colonization. It is not known whether these breeds originated from one or more cattle populations [1]. The Criollo Lechero Tropical (CLT) cattle breed was developed due to the geographic isolation of the original Spanish cattle and farmers' selection for milk production traits [4]. In Mexico, a nucleus herd of CLT cattle was formed in the mid-20th century. The base of this nucleus herd were cows imported from Nicaragua, creole cows from Mexico and some bulls from the *Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza* (CATIE), Turrialba, Costa Rica [5]. Romosinuano cattle is a Colombian creole breed introduced to Mexico by absorption process of individuals

and semen of Romosinuano bulls from Florida, the USA, and Turrialba, Costa Rica [4].

Creole cattle breeds from the Americas have evolved in different climatic conditions than their European ancestry, so they have probably fixed or changed allele frequencies different from those of their ancestors due to adaptation and the artificial animal selection to better performances under these conditions. The genetic diversity of CLT and Romosinuano cattle in Mexico has been evaluated through pedigree analysis [6, 7]. However, within and across breed genetic diversity and these breeds' origin has not been evaluated by DNA markers.

This study is aimed to assess the genetic diversity and structure of CLT and Romosinuano cattle breeds in Mexico and compare them with other creole cattle's ancestor breed populations using a medium-density SNP chip.

## **2. Material and methods**

### **2.1 Source of data**

Both CLT and Romosinuano animals included in this study belong to herds affiliated to the *Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical*. Seventy-five hair follicle samples from animals of both cattle breeds were collected. Samples were genotyped using the Axiom © BovMDv3 array consisting of 63,791 SNPs (Affymetrix, Santa Clara, CA, USA). Monomorphic SNPs were excluded, resulting in 55,760 SNPs for CLT and 55,579 for Romosinuano. Genotypic data from an Illumina BovineSNP50 BeadChip array with 1,539 animals of 127 breeds were retrieved from a public repository [8]. SNPs had been filtered by the authors based on a calling rate of 0.9, and monomorphic SNPs were excluded, remaining 43,043 SNPs available. Only data from Holstein, Jersey, Angus, and Brown Swiss animals were included as European cattle breeds, eleven native Spanish cattle breeds (Berrenda Negro, Berrenda Colorado, Negra Andaluza, Cárdena Andaluza, Toro de Lidia, Pirenaica, Mostrenca, Terrana, Menorquina, Morucha, Retinta), five creole cattle breeds

(Texas Longhorn, Colombian Romosinuano, Corriente, Senepol, Florida Cracker), and three breeds of Asian indicine cattle (Guzerat, Sahiwal, Gyr) were selected for further analysis. Genotypic data were merged by SNP's name and location with CLT and Romosinuano data, using PLINK v1.9 software [9]. Finally, a total of 18,192 SNPs were shared between the panels.

## **2.2 Within-breed genetic diversity**

Observed ( $H_o$ ) and expected ( $H_e$ ) heterozygosity and the inbreeding coefficient ( $F_{IS}$ ) were calculated for the CLT and Romosinuano samples using PLINK software [9]. Trends of the effective population size ( $N_e$ ) were calculated from linkage disequilibrium ( $LD$ ) throughout the genome of CLT and Romosinuano using SNeP V1.1 software [10].

## **2.3 Across-breed genetic diversity**

Pairwise  $F_{ST}$  between CLT, Romosinuano, and creole, Spanish, and indicine breeds were calculated using the PLINK software [9]. Principal components were calculated using the merged SNP dataset, considering only autosomal SNPs. The genomic relationships matrix was calculated using GCTA v1.93.2 (Genome-wide Complex Trait Analysis) software [11]. The omicKriging package of R [12] was used to access the matrix's information and subsequently estimate the principal components using the RSpectra package of R [13], and the top two principal components were plotted against each other considering the CLT and Romosinuano cattle and the five creole, eleven Spanish, and three indicine breeds.

Using the software STRUCTURE v2.3.4 [14], population structure analyses were performed with an initial Burn-in of 25,000, and 25,000 additional Markov Chain Monte Carlo (MCMC) runs. The dataset was processed for five iterative cycles, each with constant Burn-in and MCMC. Holstein, Jersey, Angus, and Brown Swiss animals were included as European cattle breeds, eleven native Spanish cattle breeds, five creole cattle breeds, and three breeds of Asian indicine cattle to consider the possible subpopulations of ancestry in the CLT and Romosinuano. K-values from 2 to 13 were tested with STRUCTURE harvester software [15] to

infer the best fit Delta K-value between the populations studied using Evanno's method [16].

### **3. Results**

#### **3.1 Within-breed genetic diversity**

To assess the animals' relatedness and genetic diversity within each of the breeds,  $H_o$ ,  $H_e$ , the average inbreeding coefficient, and the effective population size were calculated (Table 1). Romosinuano cattle showed a greater difference between  $H_o$  and  $H_e$  than CLT cattle. The trend of  $N_e$  across the last 100 generations is shown in Figure 1. The effective population sizes for both bovine breeds have been decreasing over time. The generation intervals of Romosinuano and CLT breeds were calculated at 6.7 [6] and 6.9 years [7], respectively. The first trips carrying cattle from Spain to America are reported in 1524 [17]. In 70 generations, the  $N_e$  was reduced from 317 to 56 in CLT, and in Romosinuano was reduced from 394 to 99. None of these breeds obtained a value less than the lower limit ( $>50$ ) of the effective population size recommended for the conservation of genetic resources [18].

#### **3.2 Across-breed genetic diversity**

Wright's  $F_{ST}$  values, calculated between CLT, Romosinuano, and established cattle breeds, are shown in Table 2. The smallest Wright's  $F_{ST}$  value among Mexican Romosinuano with a creole cattle breed (omitting the comparison with Colombian Romosinuano) was with Texas Longhorn, while the lowest values compared to Spanish breeds were with Andalusian breeds. The same results were observed with CLT cattle. The highest values of  $F_{ST}$  were with *Bos t. indicus* breeds for both CLT and Romosinuano. The  $F_{ST}$  values between CLT and Romosinuano with zebu breeds were on average 0.25 and 0.23, respectively.

The main two principal components were calculated, and the animal samples were represented graphically to visualize how the individuals are clustered as from the genomic relationships matrix (Figure 2). The sub-species *Bos taurus taurus* and *Bos taurus indicus* shown the largest difference of principal components. Creole and Spanish cattle breeds showed a slight separation

between clusters. CLT and Romosinuano cattle were clustered with the creole cattle breeds; however, these breeds exhibited a large spread as principal component points.

Genetic structure analysis was carried out to determine the ancestry of the CLT and Romosinuano breeds (Figure 3). The best fit of  $k$  given the populations was determined as  $k = 10$ , indicating that both CLT and Romosinuano cattle show a different structure from the other breeds included in the study. The largest ancestral subpopulation that shows the Romosinuano in Mexico is shared with Colombian Romosinuano. This subpopulation represents on average 75% of the Romosinuano genes, which at the same time, in the Spanish breeds, this subpopulation represents on average 7%. The other ancestral subpopulations in the Romosinuano population represent 10% of the subpopulation shared mainly with CLT; 2% of the subpopulation shared with creole cattle such as Texas Longhorn and Corriente, and 8.7% belongs mainly to subpopulations of zebu ancestors. CLT cattle shows a subpopulation that covers 89% of its ancestry. This ancestral subpopulation is not shared with high percentages in other bovine breeds. Spanish breeds such as the Cárdena Andaluza, Negra Andaluza, and Berrenda en Colorado show a slight proportion of this ancestral subpopulation, 3% on average.

#### **4. Discussion**

The genetic diversity and population structure of CLT and Romosinuano cattle populations from Mexico were analyzed in the present study. The  $H_o$ ,  $H_e$ , and  $F_{IS}$  values have been used to reference genetic diversity in several studies of small and indigenous populations.  $H_o$  values were higher than  $H_e$  in both breeds of this study. In the Tharparkar cattle population,  $H_o$  values were higher than  $H_e$  [19]. The native cattle breeds, Korea Brown Hanwoo, Brindle Hanwoo, and Jeju Black, showed great genetic diversity having  $H_o$  greater than  $H_e$  [20].

Eusebi et al. [21] reported average  $F_{IS}$  values of 0.06 and 0.01 for the same animals of the Spanish and creole breeds used in this study. Rosendo-Ponce et al. [7] and Núñez-Domínguez et al. [6] estimated inbreeding coefficients of 0.01 and 0.025 for CLT and Romosinuano, based on a pedigree information analysis. The parameters calculated in the present study showed a remarkable level of genetic diversity within the breeds studied. Genetic diversity analysis has been very important for the management and sustainable use of livestock genetic resources. Within-breed genetic diversity studies are necessary for creole and local breeds to be used in a productive and economic environment and avoid inbreeding problems [22].

In general, for both breeds, the differences with Spanish and creole breeds are categorized as 'moderate differentiation' and differences with indicine breeds as 'great differentiation' [23, 24]. The lowest Wright's  $F_{ST}$  values among Mexican Romosinuano, CLT and the Spanish cattle breeds agree with some reports that mention the arrival of cattle to the New World occurred from the second trip of Christopher Columbus, and later, transports of cattle left Seville and nearby ports so that Andalusian cattle would be the most likely ancestors of the creole cattle breeds [17].

Gautier et al. [25] reported  $F_{ST}$  values between European cattle and zebu breeds between 0.29 and 0.38. This result is consistent with Decker et al. [2] and Martínez et al. [1], where they mention that creole breeds have indicine ancestry, which occurred after the arrival of Spanish cattle to the New World. Miretti et al. [26] suggest that Zebu's influence in creole cattle may be due to imports of *Bos t. indicus* from Africa during the colonial period to improve local adaptability herds to tropical conditions.

The  $N_e$  is a valuable parameter to know the risk of extinction in small populations and design breeding programs for livestock breeds [23]. The  $N_e$  from genealogical records was calculated for CLT and Romosinuano cattle breeds in

México [6, 7]. One way to estimate  $N_e$  is by using pedigree; however, these estimates depend on the genealogical records' level of integrity [10]. According to the  $N_e$  trends estimated in the present study, the  $N_e$  value published by pedigree analysis [7] was reached thirteen generations earlier, while in Romosinuano, the value has not yet been reached [7]. Hidalgo et al. [27] estimated a  $N_e$  of 72 in generation 1 from a genomic sample of the same Romosinuano population in Mexico. According to FAO [18], it is desirable to have a minimum  $N_e$  of 50, equivalent to a rate of inbreeding of 1% per generation, to preserve small populations.

CLT and Romosinuano remained close to the creole breeds in the principal components plot, mainly with Texas Longhorn, Corriente, and Senepol, confirming the slight differentiation from the native Spanish and wholly differentiated from the Zebu-like observed in the Wright's  $F_{ST}$  comparison.

The results of the structure analysis supported Wright's  $F_{ST}$  coefficients. Romosinuano cattle has a low percentage of indicine origin ancestry presented in some populations of creole breeds [1, 2, 28]. CLT cattle only presented 2% of zebu ancestors. Using only 19 microsatellite markers and calculating the contributions by the likelihood estimation of admixture proportions with the LEADMIX software, Martínez et al. [1] found that Iberian breeds significantly contribute to creole cattle (between 70 and 80%). With the same number of microsatellite markers and a high K-level, a set of creole bovine breeds did not show clear admixture evidence with any of the other breed groups evaluated [29]. There was a lower proportion of ancestry in other observed subpopulations of European breeds due to differences of origin of the British, continental, and Spanish cattle [28]. Our results strongly support the idea that creole bovine breeds derived their own genetic identity and deserve to be adequately managed and conserved.

Romosinuano and CLT in America have originated differentiable genetic structures between cattle breeds, European, Spanish, and creole cattle breeds. Exportation, admixture, and breed formation greatly impact the variation between cattle breeds [2]. Breed diversity is helpful because it provides alternatives if commercial breeds have genetic problems due to genetic drift or if changes in the production sector require poorly developed traits in the commercial breeds [23]. For the assessed breeds, the results suggest enough diversity as a genetic reservoir considering their essential advantages to tropical environments [30, 31, 32] and preserving their productivity ability in these conditions. [5, 33]

## **5. Conclusions**

Although the CLT and Romosinuano cattle breeds represent small populations, in this study, the within-breed genetic diversity parameters confirm the degree of heterozygosity of these populations. CLT and Romosinuano cattle breeds show divergence with breeds linked to creole cattle ancestor populations and show potential to be used as genetic reservoirs in conservation programs.

## **Declarations**

### **Ethics statement**

No ethics statement was required for the collection of genetic material. The dataset from animals included in this study was from previous analyses that obtained specific permissions.

### **Credit authorship contribution statement**

All authors conceived and validated the study, contributed to methods and to writing the paper; formal analysis, REM and GMP; REM carried out the bioinformatics analysis; writing—original draft preparation, REM, GMP, RR, RN and JGG; writing—review and editing, RR, RN and JGG; supervision, GMP, RR, RN and JGG; All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.



## Declaration of Competing Interest

The authors declare no competing interests.

## Availability of data

The sequencing data reported in this article of the interest breeds are available in Mendeley Data (<http://dx.doi.org/10.17632/xxwydgnc2s.1>). The database of the other breeds is all available online at Dryad repository (<https://datadryad.org/stash>).

## Acknowledgments

We thank the *Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Criollo Lechero Tropical, A. C.* (AMCROLET) for providing information for the present study, and the *Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios* (CONARGEN) for financial support. We also thank the *Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología* (CONACyT) for the financial support given to the first author to carry out a Doctorate in Science study at *Universidad Autónoma Chapingo*, Mexico.

## References

- [1] A.M. Martínez, L.T. Gama, J. Cañón, C. Ginja, J.V. Delgado, S. Dunner, V. Landi, I. Martín-Burriel, M.C.T. Penedo, C. Rodellar, J.L. Vega-Pla, A. Acosta, L.A. Álvarez, E. Camacho, O. Cortés, J.R. Marques, R. Martínez, R.D. Martínez, L. Melucci, G. Martínez-Velázquez, J.E. Muñoz, A. Postiglioni, J. Quiroz, P. Sponenberg, O. Uffo, A. Villalobos, D. Zambrano, P. Zaragoza, Genetic footprints of iberian cattle in America 500 years after the arrival of Columbus, *PLoS One*. 7 (2012) e49066. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0049066>.
- [2] J.E. Decker, S.D. McKay, M.M. Rolf, J. Kim, A.M. Alcalá, T.S. Sonstegard, O. Hanotte, C.M. Seabury, L. Praharani, A. Go, W. Liu, C. Lei, J.M. Reecy, M. Saif-ur-rehman, R.D. Schnabel, J.F. Taylor, Worldwide patterns of

- ancestry, divergence, and admixture in domesticated cattle, *PLOS Genet.* 10 (2014) e1004254. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004254>.
- [3] L.K. Matukumalli, C.T. Lawley, R.D. Schnabel, J.F. Taylor, M.F. Allan, M.P. Heaton, J.O. Connell, S.S. Moore, T.P.L. Smith, T.S. Sonstegard, C.P. Van Tassell, Development and characterization of a high density SNP genotyping assay for cattle, *PLoS One.* 4 (2009) e5350. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005350>.
- [4] J.M. De Alba, *El libro de los bovinos criollos en América*, Mexico DF: Mundi Prensa Mexico (2011) 444 pp.
- [5] A. Rosendo-Ponce, C.M. Becerril-Pérez, Avance en el conocimiento del bovino Criollo Lechero Tropical en México, *Ecos. Rec. Agrop.* 2 (2015) 233–243. Available from <https://era.ujat.mx/index.php/rera/article/view/760/643>.
- [6] R. Núñez-Domínguez, R.E. Martínez-Rocha, J.A. Hidalgo-Moreno, R. Ramírez-Valverde, J.G. García-Muñiz, Evaluation of the Romosinuano cattle population structure in Mexico using pedigree analysis, *Rev. Colomb. Cienc. Pecu.* 33 (2020) 44–59. <https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v32n4a05>.
- [7] A. Rosendo Ponce, A.L. Palacios Jiménez, F. Rosales Martínez, G. Torres Hernández, R. Ramírez Valverde, C.M. Becerril-Pérez, Genetic variability of Tropical Milking Criollo cattle of Mexico, *Rev. Colomb. Cienc. Pecu.* 31 (2018) 196–203. <https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v31n3a04>.
- [dataset] [8] J.E. Decker, S.D. McKay, M.M. Rolf, J. Kim, A.M. Alcalá, T.S. Sonstegard, ... J.F. Taylor, Data from: Worldwide patterns of ancestry, divergence, and admixture in domesticated cattle. Dryad Digital Repository (2014). <https://doi.org/10.5061/dryad.th092>.
- [9] S. Purcell, B. Neale, K. Todd-Brown, L. Thomas, M.A.R. Ferreira, D. Bender, J. Maller, P. Sklar, P.I.W. de Bakker, M.J. Daly, P.C. Sham, PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses, *Am. J. Hum. Genet.* 81 (2007) 559–575. <https://doi.org/10.1086/519795>.

- [10] M. Barbato, P. Orozco-terWengel, M. Tapio, M.W. Bruford, SNeP: a tool to estimate trends in recent effective population size trajectories using genome-wide SNP data, *Front. Genet.* 6 (2015) 109. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00109>.
- [11] J. Yang, S.H. Lee, M.E. Goddard, P.M. Visscher, GCTA: A tool for genome-wide complex trait analysis, *Am. J. Hum. Genet.* 88 (2011) 76–82. <https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2010.11.011>.
- [12] H.K. Im, H.E. Wheeler, K.A. Michaels, V. Trubetskoy, Package ‘OmicKriging’ (2016). Available from <https://pbil.univ-lyon1.fr/CRAN/web/packages/OmicKriging/OmicKriging.pdf>.
- [13] Y. Qiu, J. Mei, G. Guennebaud, J. Niesen, RSpectra: Solvers for Large Scale Eigenvalue and SVD Problems. R Package Version 0.15-0, 405 (2019). Available from: <https://CRAN.R-project.org/package=RSpectra>.
- [14] J.K. Pritchard, M. Stephens, P. Donnelly, Inference of population structure using multilocus genotype data, *Genetics.* 155 (2000) 945–959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>.
- [15] D.A. Earl, B.M. vonHoldt, STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method, *Conserv. Genet. Resour.* 4 (2012) 359–361. <https://doi.org/10.1007/s12686-011-9548-7>.
- [16] G. Evanno, S. Regnaut, J. Goudet, Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study, *Mol. Ecol.* 14 (2005) 2611–2620. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x>.
- [17] P. Ajmone-Marsan, F. Garcia, J.A. Lenstra, On the origin of cattle: how aurochs became cattle and colonized the world, *Evol. Anthropol.* 19 (2010) 148–157. <https://doi.org/10.1002/evan20267>.
- [18] FAO, Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Management of Small Populations at Risk; FAO: Rome, Italy (1998).
- [19] K.A. Saravanan, M. Panigrahi, H. Kumar, S. Parida, B. Bhushan, G.K. Gaur, P. Kumar, T. Dutt, B.P. Mishra, R.K. Singh, Genome-wide

- assessment of genetic diversity, linkage disequilibrium and haplotype block structure in Tharparkar cattle breed of India, *Anim. Biotechnol.* (2020) 1–15. <https://doi.org/10.1080/10495398.2020.1796696>.
- [20] A. Sharma, S.-H. Lee, D. Lim, H.-H. Chai, B.-H. Choi, Y. Cho, A genome-wide assessment of genetic diversity and population structure of Korean native cattle breeds, *BMC Genet.* 17 (2016) 139. <https://doi.org/10.1186/s12863-016-0444-8>.
- [21] P.G. Eusebi, O. Cortés, S. Dunner, J. Cañón, Genomic diversity and population structure of Mexican and Spanish bovine Lidia breed, *Anim. Genet.* 48 (2017) 682–685. <https://doi.org/10.1111/age.12618>.
- [22] T. Meuwissen, Genetic management of small populations: A review, *Acta Agric. Scand. A. Anim. Sci.* 59 (2009) 71–79. <https://doi.org/10.1080/09064700903118148>.
- [23] B.S. Weir, C.C. Cockerham, Estimating F-statistics for the analysis of population structure, *Evolution.* 38 (1984) 1358–1370. <https://doi.org/10.2307/2408641>.
- [24] R. Frankham, J.D. Ballou, D.A. Briscoe, *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, Cambridge (2002).
- [25] M. Gautier, D. Laloë, K. Moazami-Goudarzi, Insights into the genetic history of French cattle from dense SNP data on 47 worldwide breeds, *PLoS One.* 5 (2010) e13038. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0013038>.
- [26] M.M. Miretti, S. Dunner, M. Naves, E.P. Contel, J.A. Ferro, Predominant African-Derived mtDNA in Caribbean and Brazilian Creole Cattle is also Found in Spanish Cattle (*Bos taurus*) *J. Hered.* 95 (2004) 450–453. <https://doi.org/10.1093/jhered/esh070>.
- [27] J. Hidalgo, A. Cesarani, A. Garcia, P. Sumreddee, N. Larios, E. Mancin, J.G. García, R. Núñez, R. Ramírez, Genetic background and inbreeding depression in Romosinuano cattle breed in Mexico, *Anim.* 11 (2021). <https://doi.org/10.3390/ani11020321>.

- [28] J.E. Decker, J.C. Pires, G.C. Conant, S.D. McKay, M.P. Heaton, K. Chen, A. Cooper, J. Vilkki, C.M. Seabury, A.R. Caetano, G.S. Johnson, R.A. Brenneman, O. Hanotte, L.S. Eggert, P. Wiener, J.-J. Kim, K.S. Kim, T.S. Sonstegard, C.P. Van Tassell, H.L. Neibergs, J.C. McEwan, R. Brauning, L.L. Coutinho, M.E. Babar, G.A. Wilson, M.C. McClure, M.M. Rolf, J. Kim, R.D. Schnabel, J.F. Taylor, Resolving the evolution of extant and extinct ruminants with high-throughput phylogenomics, *Proc. Natl. Acad. Sci.* 106 (2009) 18644 LP-18649. <https://doi.org/10.1073/pnas.0904691106>.
- [29] C. Ginja, L.T. Gama, O. Cortés, I.M. Burriel, J.L. Vega-Pla, C. Penedo, P. Sponenberg, J. Cañón, A. Sanz, A. Alves, L.A. Alvarez, G. Giovambattista, S. Agha, A. Rogberg-Muñoz, M.A.C. Lara, B. Consortium, J.V. Delgado, A. Martinez, The genetic ancestry of American Creole cattle inferred from uniparental and autosomal genetic markers. *Sci. Rep.* 9 (2019), 11486. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-47636-0>.
- [30] A. C. Hammond, T.A. Olson, C.C. Chase Jr., E.J. Bowers, R.D. Randel, C.N. Murphy, D.W. Vogt, A. Tewolde, Heat tolerance in two tropically adapted *Bos taurus* breeds, Senepol and Romosinuano, compared with Brahman, Angus, and Hereford cattle in Florida, *J. Anim. Sci.* 74 (1996) 295–303. <https://doi.org/10.2527/1996.742295x>.
- [31] J.S. Johnson, B. Scharf, R.L. Weaver, P.A. Eichen, D.E. Spiers, Patterns of heat response and adaptation on summer pasture : A comparison of heat-sensitive (Angus) and -tolerant (Romosinuano) cattle, *J. Therm. Biol.* 37 (2012) 344–350. <https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2011.10.014>.
- [32] C.M. Becerril-pérez, A.A. Álvarez-cepeda, A. Rosendo-ponce, R.A. Alonso-morales, Kappa-casein genotyping in tropical milking Criollo and its association to milk production and composition, *Trop. Anim. Health Prod.* 52 (2020) 3885–3888. <https://doi.org/10.1007/s11250-020-02317-3>.
- [33] D.G. Riley, J.M. Burke, C.C. Chase, S.W. Coleman, Genetic effects for reproductive performance of straightbred and crossbred Romosinuano and Angus cows in a temperate zone, *Livest. Sci.* 180 (2015) 22–26. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2015.06.024>.

Table 1. Observed and expected heterozygosity, inbreeding coefficient, and effective population size of Criollo Lechero Tropical (CLT) and Romosinuano cattle from Mexico.

Breed	Observed heterozygosity	Expected heterozygosity	Inbreeding coefficient	Effective population size
CLT	0.310	0.304	-0.018	56
Romosinuano	0.326	0.318	-0.023	99

Table 2. Pairwise  $F_{ST}$  between Criollo Lechero Tropical (CLT) and Romosinuano breeds with other cattle breeds.

Breed	Romosinuano	CLT
Texas Longhorn	0.0760	0.0791
Colombian Romosinuano	0.0769	0.1006
Corriente	0.0795	0.0825
Senepol	0.0822	0.0854
Florida Cracker	0.1191	0.1188
Berrenda Negro	0.0698	0.0685
Berrenda Colorado	0.0757	0.0768
Negra Andaluza	0.0800	0.0802
Cárdena Andaluza	0.0821	0.0828
Toro de Lidia	0.0854	0.0850
Pirenaica	0.0860	0.0860
Mostrenca	0.0882	0.0876
Terrana	0.0971	0.0960
Menorquina	0.1027	0.1023
Morucha	0.1512	0.1513
Retinta	0.1612	0.1611
Angus	0.1204	0.1203
Brown Swiss	0.1343	0.1369
Holstein	0.1082	0.1035
Jersey	0.1513	0.1447
Guzerat	0.2083	0.2275
Sahiwal	0.2394	0.2584
Gir	0.2417	0.2603

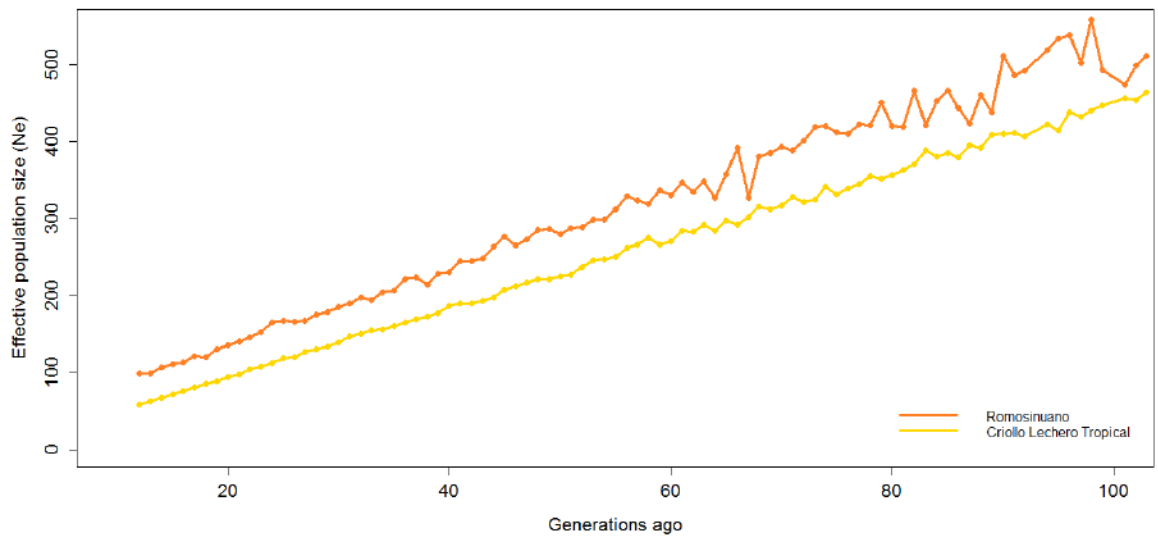


Figure 1. Estimated effective population size trend from the last 100 generations.



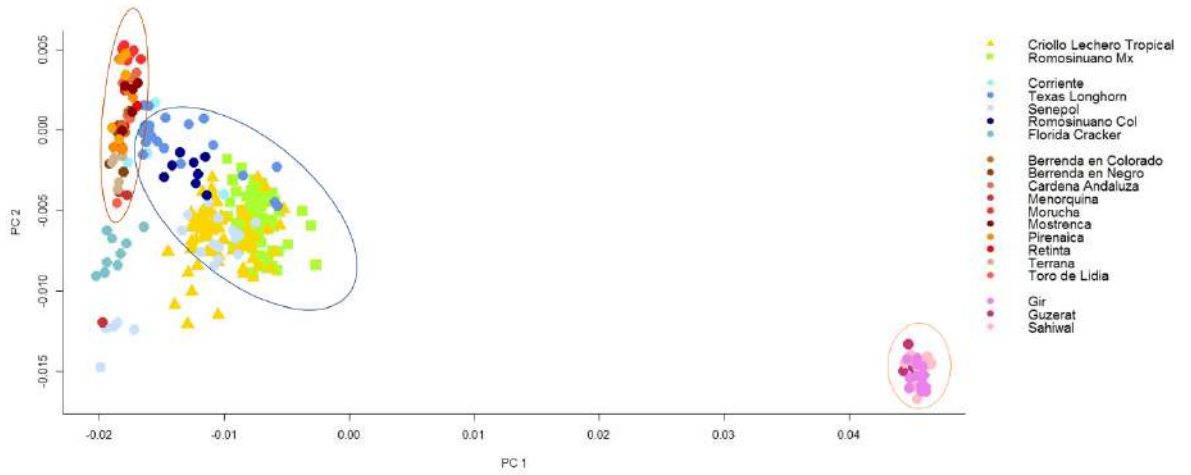


Figure 2. Principal components plot of Criollo Lechero Tropical, Mexican Romosinuano, American creole cattle, Spain native and indicine breeds.

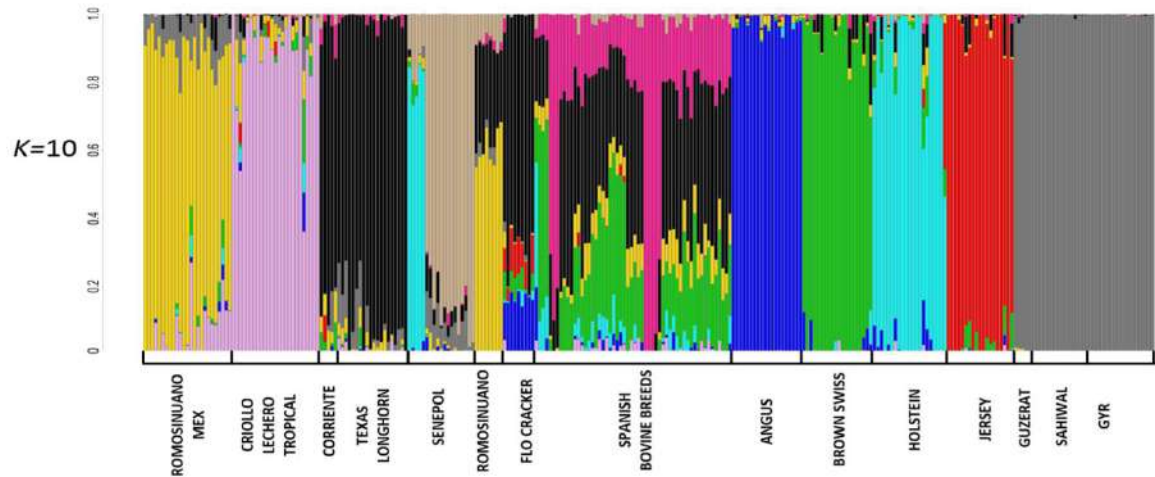


Figure 3. Proportions of genetic ancestry in Criollo Lechero Tropical, Romosinuano cattle, and reference populations.

## 5. POLIMORFISMOS DE GENES ASOCIADOS A CARACTERÍSTICAS DE CRECIMIENTO EN GANADO ROMOSINUANO

Martínez-Rocha R. E.<sup>1</sup>, García-Muñiz J. G.<sup>1\*</sup>, Ramírez-Valverde R.<sup>1</sup>,

Núñez-Domínguez R.<sup>1</sup>, Parra-Bracamonte G. M.<sup>2</sup>.

<sup>1</sup> Posgrado en Producción Animal, Departamento de Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo, Chapingo, México, <sup>2</sup>Laboratorio de Biotecnología Animal, Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional, Ciudad Reynosa, Tamaulipas, México.

\*jgarciamppa@hotmail.com

### 6.1 Resumen

La identificación de marcadores asociados con genes de características de crecimiento en ganado criollo Romosinuano podría complementar los programas de selección ya utilizados en esta población. El objetivo de este estudio fue estimar las frecuencias alélicas y genotípicas de marcadores genéticos asociados a características de crecimiento, y calcular su efecto sobre la población bovina Romosinuano. Se utilizaron los datos de pesos al nacer y al destete de 186 bovinos Romosinuano registrados en la *Asociación Mexicana de Criadores de ganado Romosinuano y Lechero Tropical*. Estos animales fueron genotipados con un chip SNP de densidad media. Se seleccionaron once marcadores genéticos vinculados a genes candidatos de características de crecimiento; sólo seis de estos marcadores se presentaron en forma polimórfica. Se realizó un análisis de asociación para el peso al nacer y el peso al destete; GHR\_F279Y ( $P < 0.01$ ), GH\_2141 ( $P < 0.05$ ), y LEP\_Y7F ( $P < 0.05$ ) presentaron un efecto significativo sobre el peso al nacer; sólo GHR\_F279Y y GH\_2291 presentaron un efecto significativo sobre el peso al destete. Los bovinos Romosinuano presentan marcadores polimórficos asociados a características de crecimiento y estos pueden ser utilizados como herramienta adicional en la selección y mejoramiento genético de características de peso en esta raza bovina criolla.

**Palabras clave:** Bovinos criollos, marcadores genéticos, recursos genéticos.

## 6.2 Abstract

Identification of markers linked to growth-characteristics genes in Romosinuano creole cattle would supplement selection and breeding programs already used in this population. This study aimed to estimate the allelic and genotypic frequencies of genetic markers associated with growth characteristics and calculate their effect on the Romosinuano cattle population. Birth and weaning weight data of 186 Romosinuano bovines registered in the *Asociación Mexicana de Criadores de ganado Romosinuano y Lechero Tropical* were utilized. These animals were genotyped with a medium SNP chip. Eleven genetic markers linked to candidate genes of growth characteristics were selected; only six of these markers were presented in a polymorphic form. An association analysis was performed for birth weight and weaning weight; GHR\_F279Y ( $P < 0.01$ ), GH\_2141 ( $P < 0.05$ ), and LEP\_Y7F ( $P < 0.05$ ) presented a significant effect on birth weight; only GHR\_F279Y and GH\_2291 presented significant effect on weaning weight. Romosinuano bovines present polymorphic markers associated with growth characteristics, and these can be used as an additional tool in selection and genetic improvement for weight characteristics in this creole cattle breed.

**Keywords:** Creole cattle, genetic markers, genetic resources.

## 6.3 Introducción

Los SNP se han utilizado en varios estudios para la identificación satisfactoria de loci de características cuantitativas (QTL). El enfoque del gen candidato utiliza hallazgos fisiológicos para identificar variaciones en los genes que están asociados con el fenotipo de interés (Karisa et al., 2013). La identificación de estas variantes polimórficas en los genes candidatos y sus asociaciones con QTL proporciona una herramienta útil para la selección asistida por marcadores (MAS) y mejorar la productividad animal. La aplicación práctica del QTL identificado para la cría de animales es limitada, debido a que las asociaciones entre marcadores y QTL pueden existir solo en algunas razas o poblaciones (Dekkers, 2004).

Muchas hormonas y factores influyen de manera importante en el crecimiento del animal. Estas incluyen la hormona de crecimiento (GH), receptor de hormona de crecimiento (GHR), y proteínas de unión para factores de crecimiento semejante a insulina (Rappaport, 1991; Clempson et al., 2012). La leptina también es una hormona que afecta a diversos procesos en el cuerpo que intervienen en el mantenimiento del equilibrio energético, mediante el control de la ingesta de

alimentos y el gasto energético; además, se han reportado asociaciones de polimorfismos del gen leptina con características de crecimiento.

Ciertos marcadores para estos genes ya han sido asociados con el crecimiento del ganado bovino y han sido ampliamente caracterizados en diversas razas, encontrando variación del efecto que presentan (Clempson et al., 2012). En el ganado Romosinuano de México se ha evaluado su crecimiento y se han realizado evaluaciones genéticas para características de crecimiento (Martínez-Rocha et al., 2018). Identificar marcadores que expliquen variación en características de crecimiento complementaría los esquemas de selección en esta población. Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue estimar las frecuencias alélicas y genotípicas de marcadores asociados con características de crecimiento, así como su efecto en el peso vivo de bovinos Romosinuano.

#### **6.4 Materiales y métodos**

Se genotiparon 186 bovinos Romosinuano, utilizando el arreglo Axiom©BovMDv3 de Affymetrix (Santa Clara, CA, USA), registrados en la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Romosinuano y Lechero Tropical (AMCROLET). De los bovinos seleccionados, 159 presentaron información de peso al nacimiento (PN), y 148 de pesos al destete ajustados a los 240 d (PD).

Con base en la literatura existente del arreglo de SNPs utilizado, se seleccionaron 11 marcadores relacionados con genes candidatos para crecimiento y peso del animal. Con la información de los genotipos, se estimaron las frecuencias genotípicas y alélicas de los marcadores analizados, utilizando el programa Cervus 3.0.

Con los datos genotípicos y productivos (PN y PD) obtenidos en los bovinos muestreados, se llevó a cabo para cada raza un análisis de asociación. Únicamente se consideraron los SNPs que resultaron polimórficos en la estimación de frecuencias genotípicas y con una frecuencia del alelo menor

(MAF) mayor que 0.05. El análisis de asociación para cada marcador se desarrolló utilizando el siguiente modelo animal:

$$y = X_1\beta + X_2g + Zu + e,$$

donde  $y$  es el vector de observaciones,  $\beta$  es el vector de efectos fijos incluidos en el modelo (sexo del animal, año de nacimiento, hato, y la covariable edad de la madre al parto, en días),  $g$  es el vector de efectos fijos de los genotipos (0, 1 y 2) para cada marcador,  $u$  es el vector de efectos aleatorios genéticos aditivos de los animales (excluyendo el efecto del marcador evaluado),  $e$  es el vector de efectos aleatorios de los residuales,  $X_1$ ,  $X_2$  y  $Z$  son matrices de incidencia relacionadas con los efectos de los vectores  $\beta$ ,  $g$ , y  $u$  respectivamente. Las suposiciones del modelo fueron:

$$y \sim N(X_1\beta + X_2g, ZA\sigma_u^2Z' + R),$$

donde  $A\sigma_u^2$  es la matriz de covarianza de los efectos aleatorios de  $u$ , y  $A$  es la matriz de relaciones genéticas aditivas. Las estimaciones se obtuvieron por máxima verosimilitud restringida (REML) mediante la librería pedigreemm de R (Vazquez et al., 2010). La significancia de los efectos ( $P < 0.05$ ) se determinó con la prueba del Estadístico de Wald.

## 6.5 Resultados y discusión

Después de descartar SNPs monomórficos y con MAF menor que 0.05, los marcadores polimórficos presentados en el arreglo utilizado fueron GH\_2141 y GH\_2291, asociados al gen GH1; GHR\_F279Y, asociado al gen GHR; LEP\_Y7F y LEP\_A80V, asociados al gen Leptina, y rs41584659 asociado al gen IGFBP2 (proteína 2 de unión al factor de crecimiento similar a la insulina). En el Cuadro 1 se muestran las frecuencias alélicas y genotípicas de los marcadores. En general, los marcadores favorables presentes en la población se encuentran en mayor proporción de manera heterocigótica y en menor frecuencia que la forma común del marcador. La población presenta animales homocigotos en los alelos

favorables para IGFBP2, GH\_2141, GH\_2291 y LEP\_A80V, los cuales pueden ser considerados como reproductores para incrementar tales frecuencias.

Cuadro 1. Frecuencias alélicas y genotípicas para SNPs relacionados con crecimiento de ganado Romosinuano en México.

dbSNP <sup>z</sup>	Marcador	Frec. Alélicas		Frecuencias genotípicas		
		A	B	AA	AB	BB
rs41584659	IGFBP2	0.745	0.255	0.549	0.390	0.060
rs385640152	GHR_F279Y	0.948	0.052	0.896	0.104	0.000
rs41923484	GH_2141	0.823	0.177	0.663	0.320	0.017
rs109191047	GH_2291	0.926	0.074	0.874	0.104	0.022
rs29004487	LEP_Y7F	0.923	0.077	0.845	0.155	0.000
rs29004508	LEP_A80V	0.713	0.287	0.506	0.415	0.080

<sup>z</sup>dbSNP = base de datos de polimorfismos de un solo nucleótido.

Los marcadores relacionados para los genes GH1, GHR y LEP presentaron significancia ( $P < 0.05$ ) en las características de PN y PD (Cuadro 2). El marcador GHR\_F279Y es una transversión localizada en el BTA 20 (20:g.279T>A) provocando el reemplazo de fenilalanina (F) por tirosina (Y) en un dominio de la proteína GHR en la posición 279 (Fontanesi et al., 2007). La clase TT homocigota no pudo ser calculada debido a la cantidad de individuos muestreados. A pesar de ser un marcador que ha sido utilizado principalmente para características de producción de leche, este marcador presentó significancia tanto para PN como para PD. Las diferencias entre los animales homocigotos AA y heterocigotos AT fue de 2.4 y 10.63 kg en PN y PD. Fedota et al. (2017) obtuvieron mayores valores en las características de PN y peso a los ocho meses en los genotipos AA. Parra-Bracamonte et al. (2014) obtuvieron una tendencia significativa de un marcador de GHR en la característica de PN en ganado Charolais. Sifuentes et al. (2020) presentaron significancias de un marcador de GHR, tanto en bovinos Simmental como en Charolais, para las características de peso al año y al destete, respectivamente.

Cuadro 2. Marcadores con efecto significativo sobre variables de peso en la raza Romosinuano en México.

<i>dbSNP</i> <sup>z</sup>	Nombre del marcador	Gen <sup>y</sup>	<i>P-value</i>	Carac. <sup>x</sup>	Media (kg)	Genotipo
rs385640152	GHR_F279Y	GHR	<0.01	PN	29.73	AA
					27.33	AT
rs29004487	LEP_Y7F	Leptina	<0.05	PN	29.69	AA
					31.51	AT
rs41923484	GH_2141	GH1	<0.05	PN	29.82	CC
					28.45	CG
					29.74	GG
rs385640152	GHR_F279Y	GHR	<0.05	PD	148.31	AA
					137.68	AT
rs109191047	GH_2291	GH1	<0.05	PD	165.48	TT
					147.13	TG
					170.85	GG

<sup>z</sup>dbSNP = base de datos de polimorfismos de un solo nucleótido. <sup>y</sup>GHR = receptor de la hormona de crecimiento; GH1 = Hormona de crecimiento 1. <sup>x</sup>Características: PN = peso al nacimiento; PD = peso al destete.

La leptina es una hormona proteínica involucrada en la regulación del consumo de alimento, el gasto energético, el crecimiento y la composición corporal, así como las funciones del sistema inmunológico y varios aspectos de la reproducción (Houseknecht et al., 1998). El marcador LEP\_Y7F presenta una transición en el exón 2 de adenina a timina (c.20A>T) en el gen de leptina, obteniendo un cambio de tirosina a fenilalanina. En el presente estudio se encontró un efecto significativo en la característica de PN (1.82 kg) entre el homocigoto AA y el heterocigoto AT. Durante el embarazo, la leptina es producida por el tejido adiposo materno y fetal, y también por la placenta; los niveles de leptina del cordón umbilical se correlacionan positivamente con el peso al nacer (Hauguel-de Mouzon et al., 2006). En niños recién nacidos se han encontrado marcadores SNP del gen leptina asociados con el peso al nacimiento (Souren et al., 2008). En otros estudios de asociación para ganado bovino, no se encontró efecto significativo de marcadores del gen leptina con PN (Shojaei et al., 2010; Hernández et al., 2016).



Una transversión de citocina a guanina en la posición 2141 (g.2141C>G) en el gen GH1 (GH\_2141) conduce a la sustitución de aminoácidos de leucina por valina. Aunque diversos estudios han investigado asociaciones entre polimorfismos genéticos en el locus GH1 de bovinos y rasgos productivos en ganado lechero y de carne, las influencias de los SNP han sido contradictorias (Ishida et al., 2010). En este marcador, el cambio de nucleótido C>G es considerado como causante de una reducción de peso en los bovinos (Ishida et al., 2010; Ro et al., 2018). Los bovinos Romosinuano con genotipo CG presentaron el menor PN que los animales con genotipos CC y GG, mostrando una sobredominancia negativa. Sin embargo, este resultado puede deberse a la baja frecuencia de animales con genotipo GG.

El marcador GH\_2291 (g.2291T>G) presentó un efecto significativo en el PD de los bovinos Romosinuano muestreados. Investigaciones anteriores indican que el marcador GH\_2291 afecta la producción de leche en las vacas lecheras (Fontanesi et al., 2014; Raschia et al., 2018). Vacas lecheras con al menos una copia del alelo G tienen una mayor producción de leche que las vacas GG. Es razonable esperar que las vacas de carne GT y GG desteten a becerros más pesados que las vacas de carne TT.

El enfoque de QTL identificados proporciona una herramienta relevante para la mejora de características asociadas con información previa en otras poblaciones. Sin embargo, la validación de la evidencia previa es importante para lograr una mejora genética continua en diferente tipo de poblaciones a las reportadas (Dekkers, 2004).

## **6.6 Conclusiones**

Los bovinos Romosinuano presentan de forma polimórfica marcadores asociados con características de crecimiento, y pueden usarse como una herramienta adicional en la selección y mejoramiento genético de esta raza bovina criolla.

## 6.7 Literatura citada

- Clempson, A. M., Pollott, G. E., Brickell, J. S., & Wathes, D. C. (2012). Associations between bovine IGFBP2 polymorphisms with fertility, milk production, and metabolic status in UK dairy cows. *Animal Biotechnology*, 23(2), 101-113.
- Dekkers, J. C. (2004). Commercial application of marker-and gene-assisted selection in livestock: strategies and lessons. *Journal of Animal Science*, 82(suppl\_13), 313-328.
- Fedota, O. M., Lysenko, N. G., Ruban, S. Y., Kolisnyk, O. I., & Goraychuk, I. V. (2017). The effects of polymorphisms in growth hormone and growth hormone receptor genes on production and reproduction traits in Aberdeen-Angus cattle (*Bos taurus* L., 1758). *Cytology and Genetics*, 51(5), 352-360.
- Fontanesi, L., Scotti, E., Tazzoli, M., Beretti, F., Dall'Olio, S., Davoli, R., & Russo, V. (2007). Investigation of allele frequencies of the growth hormone receptor (GHR) F279Y mutation in dairy and dual purpose cattle breeds. *Italian Journal of Animal Science*, 6(4), 415-420.
- Fontanesi, L., Calò, D. G., Galimberti, G., Negrini, R., Marino, R., Nardone, A., ... & Russo, V. (2014). A candidate gene association study for nine economically important traits in Italian Holstein cattle. *Animal Genetics*, 45(4), 576-580.
- Gorlov, I. F., Shirokova, N. V., Randelin, A. V., Voronkova, V. N., Mosolova, N. I., Zlobina, E. Y., ... & Getmantseva, L. V. (2016). CAST/MspI gene polymorphism and its impact on growth traits of Soviet Merino and Salsk sheep breeds in the South European part of Russia. *Turkish Journal of Veterinary and Animal Sciences*, 40(4), 399-405.
- Hauguel-de Mouzon, S., Lepercq, J., & Catalano, P. (2006). The known and unknown of leptin in pregnancy. *American Journal of Obstetrics and Gynecology*, 194(6), 1537-1545.
- Hernández, N., Martínez-González, J. C., Parra-Bracamonte, G. M., Sifuentes-Rincón, A. M., López-Villalobos, N., Morris, S. T., ... & Meza-García, L. A. (2016). Association of polymorphisms in growth hormone and leptin candidate genes with live weight traits of Brahman cattle. *Genetics and Molecular Research*, 15(3), 1-9.
- Houseknecht, K. L., Baile, C. A., Matteri, R. L., & Spurlock, M. E. (1998). The biology of leptin: A review. *Journal of Animal Science*, 76(5), 1405-1420.
- Ishida, T., Umebayashi, A., Tsuruta, S., Akashi, R., & Harada, H. (2010). Polymorphisms in growth hormone gene and their associations with calf weight in Japanese Black cattle. *Animal Science Journal*, 81(6), 623-629.
- Karisa, B. K., Thomson, J., Wang, Z., Stothard, P., Moore, S. S., & Plastow, G. S. (2013). Candidate genes and single nucleotide polymorphisms associated with variation in residual feed intake in beef cattle. *Journal of Animal Science*, 91(8), 3502-3513.
- Martínez Rocha, R. E., Ramírez Valverde, R., Núñez Domínguez, R., & García Muñiz, J. G. (2018). Parámetros y tendencias genéticas de variables de

- crecimiento para bovinos Romosinuano en México. *Nova Scientia*, 10(21), 310-325.
- Parra-Bracamonte, G. M., Lopez-Villalobos, N., Sifuentes-Rincón, A. M., Morris, S., Lopez-Bustamante, L. A., & Meza-García, L. A. (2014). Single and composite influence of growth-related candidate gene polymorphisms on additive genetic variation of birth weight in Charolais beef cattle. *Tropical Animal Health and Production*, 46(3), 509-512.
- Raschia, M. A., Nani, J. P., Maizon, D. O., Beribe, M. J., Amadio, A. F., & Poli, M. A. (2018). Single nucleotide polymorphisms in candidate genes associated with milk yield in Argentinean Holstein and Holstein x Jersey cows. *Journal of Animal Science and Technology*, 60(1), 1-10.
- Rappaport, R. (1991). A touch of growth. *Hormone Research in Paediatrics*, 36(5-6), 166-173.
- Ro, Y., Choi, W., Kim, H., Jang, H., Lee, H., Lee, Y., & Kim, D. (2018). Prepubertal growth and single nucleotide polymorphism analysis of the growth hormone gene of low birth weight Holstein calves. *Journal of Veterinary Science*, 19(1), 157.
- Shojaei, M., Mohammad Abadi, M., Asadi Fozzi, M., Dayani, O., Khezri, A., & Akhondi, M. (2010). Association of growth trait and Leptin gene polymorphism in Kermani sheep. *Journal of Cell and Molecular Research*, 2(2), 67-73.
- Sifuentes Rincón, A. M., Parra Bracamonte, G. M., Arellano Vera, W., Ambriz Morales, P., Cantú Covarrubias, A., & Moreno Medina, V. R. (2020). Frecuencia de SNP en genes candidatos para crecimiento y su efecto en caracteres de peso vivo en ganado para carne de Tamaulipas. *Revista Mexicana De Ciencias Pecuarias*, 11(1), 283-293.
- Souren, N. Y., Paulussen, A. D., Steyls, A., Loos, R. J., Stassen, A. P., Gielen, M., ... & Zeegers, M. P. (2008). Common SNPs in LEP and LEPR associated with birth weight and type 2 diabetes-related metabolic risk factors in twins. *International Journal of Obesity*, 32(8), 1233-1239.
- Vazquez, A. I., Bates, D. M., Rosa, G. J. M., Gianola, D., & Weigel, K. A. (2010). an R package for fitting generalized linear mixed models in animal breeding. *Journal of Animal Science*, 88(2), 497-504.

## 6. DISCUSIÓN GENERAL

La raza bovina Romosinuano, al ser una raza criolla, requiere del diseño de esquemas adecuados de conservación, considerando factores de diversidad genética en la población. Debido a sus orígenes, a la adaptación y a la selección natural y humana que ha tenido esta población, muestra una clara diferenciación genética comparada con otras razas. Estas diferencias pueden ser atractivas para la ganadería cuando sea necesario buscar otras características complementarias a las productivas, y más cercanas a la adaptación y resistencia a ambientes adversos. La población de bovinos Romosinuano en México presenta un peso corporal mediano que la hace mostrar menores requerimientos alimenticios; esta característica la ayuda a afrontar condiciones de bajos recursos alimenticios en los ambientes tropicales en que se encuentra, como sequías en algunas épocas del año.

En esta población, al tener un tamaño reducido de animales, es indispensable monitorear el grado de diversidad genética periódicamente dentro de la raza. A pesar de que actualmente no presenta un tamaño efectivo de la población alarmante, la estimación en su tendencia es negativa, por lo que es recomendable incrementar los niveles de heterocigosidad en la raza, implementando programas de reproducción considerando esta información. Los problemas de enfermedades genéticas comúnmente han sido asociados a apareamientos consanguíneos. Tales problemas ocasionan a la ganadería pérdidas económicas, que se pueden controlar reduciendo o eliminando la frecuencia de genes asociados con enfermedades genéticas. Es necesario seguir con el monitoreo de la prevalencia presentada de los marcadores asociados con enfermedades genéticas en la población de Romosinuano, y estructurar planes de apareamientos que consideren esta información.

Dado que esta población presentó también alelos polimórficos relacionados con características de crecimiento, la selección asistida por marcadores puede ser

una herramienta útil en los esquemas de selección, complementando la selección realizada a partir de las varianzas genéticas.

La selección genética en los bovinos criollos es indispensable que no considere únicamente el mejoramiento de características relacionadas directamente con la producción, sino que se busquen resultados a largo plazo, manteniendo la mayor diversidad posible dentro de la raza. Las herramientas genéticas y genómicas son de gran ayuda para la caracterización de esta raza bovina criolla.