

GENEALOGÍA DEL NÚCLEO DE CONSERVACIÓN DE BOVINOS CRIOLLOS ARGENTINOS DE ORIGEN PATAGÓNICO

GENEALOGICAL INFORMATION THE CONSERVATION CORE OF CREOLE CATTLE FROM ARGENTINE PATAGONIA

Martínez R.D.^{1*}, Fernández E.N.¹, Rumiano F.J.L.¹, Paramidani E.²

¹Facultad de Ciencias Agrarias Universidad Nacional de Lomas de Zamora. Buenos Aires. Argentina. *martinezruda@yahoo.com.ar

²Instituto de Investigaciones Biotecnológicas IIB-INTECH Chascomús Argentina

Abstract

The School of Agriculture Sciences of UNLZ developed a conservation program of Argentine Patagonian Creole cattle (CP). To this end maintains a genetic core that began in 1996 with 22 animals. The genealogical records of this core (up to births in 2011), consists of 528 animals, 239 males and 289 females. The following variables were calculated in this population: Number of males who have left offspring identified (Nm), Number of females that have left offspring identified (Nh). Number of male founders (Nmf), Number of founding females (Nhf), Number of offspring per parent (HP), number of offspring per mother (Hm), the inbreeding coefficient (F), the coefficient of Media Relations (AR) and the generation interval (IG). The program ENDOG v4.0 has been used to analyze. Nm was 21 and Nh = 132, Nmf = 9; Nhf = 72, the average was 15.52 Hp and Hm average 5.52. The genealogy information known is constituted by a 25.19% of paternal grandparents, paternal grandmothers 32.20%, 30.49% of maternal grandparents, maternal grandmothers 41.86%, 61.93% of fathers and 83, 33% of mothers. Of the total 16 were male inbred (6.69%) and from the females only 14 (4.84%), F being the population mean of 0.0061 and 0.0346 mean AR. The IG average was of 5.62 years (± 0.236). Although the number of founding individuals was small, no losses of genetic diversity due to increased inbreeding was found nowadays, although it was observed the possibility to incorporate new founders from the National Park Los Glaciares.

Keywords:

Genetic diversity
Consanguinity

Palabras clave:

Diversidad genética
Consanguinidad

Resumen

La Facultad de Ciencias Agrarias de la UNLZ desarrolla un programa de conservación del bovino criollo patagónico argentino (CP). A tal efecto mantiene un núcleo genético que se inició en el año 1996 con 22 ejemplares. Los registros genealógicos del mismo (hasta los nacimientos registrados en el año 2011), está compuesto por 528 animales de los cuales 239 son machos y 289 hembras. Se calcularon las siguientes variables poblacionales: Número de machos que han dejado descendencia identificada (Nm), Número de hembras que han dejado descendencia identificada (Nh). Número de machos fundadores (Nmf), Número de Hembras fundadoras (Nhf), Número de hijos por padre (Hp), Número de hijos por madre (Hm), el Coeficiente de consanguinidad (F), el Coeficiente de Relación Media (AR) y el intervalo generacional (IG). Se utilizó para el análisis el programa ENDOG v4.0. El Nm fue de 21 y el Nh = 132; el Nmf = 9; Nhf = 72, el Hp promedio fue 15,52 y el Hm promedio 5,52. La información genealógica conocida esta constituida por un 25,19 % de abuelos paternos, 32,20 % de abuelas paternas, 30,49 % de abuelos maternos, 41,86 % de abuelas maternas, 61,93 % de padres y un 83,33 % de madres. Del total de machos 16 resultaron consanguíneos (6,69 %) y del total de hembras solo 14 (4,84 %), siendo la F media de la población de 0,0061 y la AR media de 0,0346. El IG promedio es de 5,62 años ($\pm 0,236$). Aunque el número de individuos fundadores ha sido pequeño, no se observan hasta el presente pérdidas importantes de diversidad genética debido al incremento de la consanguinidad, aunque se observa como importante la posibilidad de incorporar nuevos fundadores provenientes del P.N Los Glaciares.

Introducción

El bovino criollo argentino de origen patagónico fue hallado asilvestrado en el Parque Nacional Los Glaciares en el S.O de la provincia de Santa Cruz (Rodríguez *et. al.*, 1989). Esta población se caracteriza por haberse

mantenido cerrada y bajo selección natural durante aproximadamente 20 generaciones, además son los descendientes directos del extinto criollo pampeano y se encuentra en riesgo de extinción (Martínez, 2008). La Facultad de Ciencias Agrarias de la UNLZ desarrolla un programa de recuperación conservación y caracterización de este valioso recurso zoogenético. Con los animales recuperados se han establecido dos grupos de animales, uno “*in situ*” en un predio ubicado en el departamento de Lago Argentino, propiedad de un productor privado y sobre el cual nuestra Facultad no tiene control y otro “*ex-situ*”, ubicado en la provincia de Buenos Aires cercano a nuestra Facultad. Este último núcleo genético comenzó a formarse en el año 1996 con 22 animales de distintas edades y sexo, incrementando su número de forma paulatina hasta la actualidad que se encuentra estabilizado en un número de 100 vientres. Hasta el año 2003 se realizó servicio natural y/o servicio controlado a corral según las posibilidades operativas del momento y desde al año 2004 hasta la fecha, se realiza Inseminación Artificial a Tiempo Fijo (IATF). Desde el inicio del plantel, se identifican las crías y sus padres mediante tatuaje indeleble, aunque en ocasiones no fue posible identificar claramente el padre de las crías. Este trabajo se facilitó con la implementación de la IATF que nos ha permitido registrar de manera inequívoca el padre de cada cría, con lo cual hemos podido construir la genealogía del plantel de manera más completa. También la IATF, nos ha permitido poner en práctica un esquema de apareamientos donde se eligen las parejas por su grado de parentesco, de tal forma que al elegir parejas no emparentadas puede minimizarse el incremento de la consanguinidad, ya que si esta última es elevada indica reducción de la variabilidad genética, además de estar asociada a una disminución en el rendimiento medio de algunos caracteres productivos (Burrow, 1993). El objetivo del trabajo es analizar la genealogía del núcleo de conservación “*ex situ*” del bovino criollo patagónico argentino, registrada desde su inicio hasta los animales nacidos en el año 2011 a efectos de conocer su estructura genética y determinar el riesgo potencial de pérdida de diversidad genética.

Material y métodos

Se trabajo con un total de 528 animales criollos patagónicos (CP), de los cuales 239 son machos y 289 hembras. Se construyo una base genealógica ordenada por fecha de nacimiento y se calcularon las siguientes variables poblacionales: Número de machos que han dejado descendencia identificada (Nm), Número de hembras que han dejado descendencia identificada (Nh), Número de machos fundadores (Nmf), Número de Hembras fundadoras (Nhf), considerando como fundador aquellos animales que sus dos padres son desconocidos y han dejado descendencia, Número de hijos por padre (Hp), Número de hijos por madre (Hm), el coeficiente de consanguinidad (F) definido como la probabilidad de que un individuo posea genes idénticos por descendencia (Wright, 1931), el Coeficiente de Relación Media (AR) definido como la probabilidad de que un alelo recogido al azar de la población, pertenezca a ese individuo, es una medida del porcentaje de alelos que en término medio comparte cada individuo con el resto de los individuos del pedigrí (Goyache *et. al.*, 2003) y el intervalo generacional (IG), que se define como la edad media de un animal reproductor a la que es reemplazado en esta función por un descendiente suyo y se calcula como la edad media de los padres cuando nacen sus descendientes que luego serán reproductores (James, 1972) y se calculó para las cuatro vías: padre-hijo, padre-hija, madre-hijo y madre-hija. Se utilizaron para la obtención de las variables y su análisis una planilla de cálculo tipo Excel y el programa ENDOG v4.0 (Gutiérrez & Goyache 2006).

Resultados y discusión

El nivel de la integridad de la información genealógica de una determinada población tiene gran importancia ya que de él dependen los valores que tomen los coeficientes de consanguinidad (F) y el de relación media (AR). Cuanto mayor es el nivel de integridad, los valores calculados son más confiables para la determinación de la estructura genética de la población. En la Figura 1, se muestra la integridad genealógica del núcleo de CP, donde se observa que la vía femenina registra mayor información que la masculina. Se conocen las madres en el 83,33 % de los casos y los padres en el 61,93 % para luego disminuir paulatinamente hasta llegar a tatarabuelos donde la información registrada promedio es de 0,82 %. Considerando las dificultades operativas que hemos atravesado durante los 15 años transcurridos desde la formación del núcleo genético hasta el presente, se estima que la información genealógica que hemos podido recabar es altamente satisfactoria, similar y en algunos casos mayor a la registrada en las razas Alistana, Asturiana de los Valles, Asturiana de la Montaña, Avileña Negra Ibérica, Bruna dels Pirineus, Morucha y Sayaguesa (Gutiérrez *et. al.*, 2003). Estos resultados muestran que el nivel de conocimiento del pedigrí del núcleo del CP es muy alto teniendo en cuenta que se trata de un pedigrí de corto tiempo. En la Tabla I puede verse que solo el 15,34 % de los animales (81 = 72 hembras

y 9 machos) son fundadores, es decir que no tienen genealogía conocida y de ellos provienen todos los genes que forman el núcleo genético.

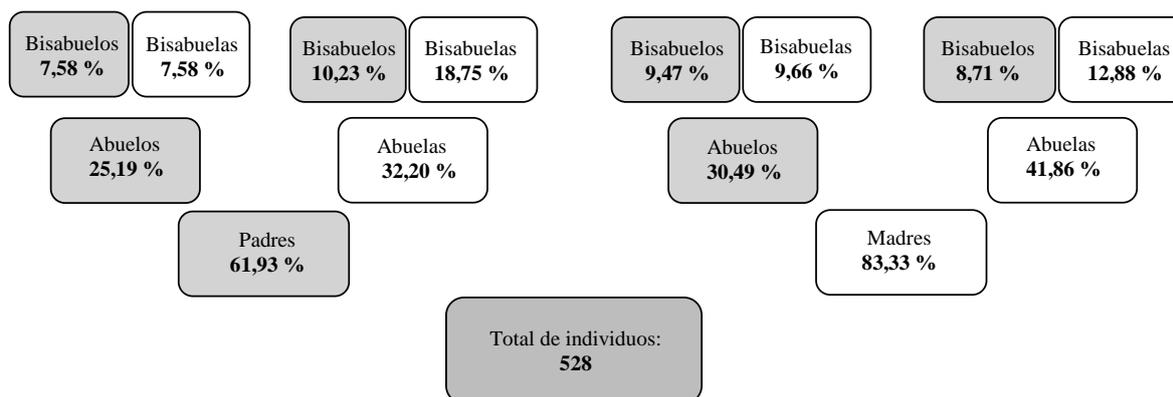


Figura 1. Integridad genealógica del núcleo de conservación del CP (1996-2011) [*Genealogical integrity of the core CP conservation (1996-2011)*]

Tabla I. Nh: Número de hembras; Nm: Número de machos; Nhf: Número de hembras fundadoras; Nmf: Número de machos fundadores; Hm: Número promedio de hijos por madre; Hp: Número promedio de hijos por padre (*Nh: Number of females; Nm: Number of males; Nhf: Number of female founders; Nmf: Number of male founder; Hm: Average number of children per mothe; Hp: Average number of children per parent*)

Número de animales (N)	Hembras (h)	Machos (m)
Sin Descendencia	157	218
Con Descendencia identificada	132	21
Fundadores (f)	72	9
Hijos (h)	5,11	
Hijos (m)		15,52

El número de animales fundadores del núcleo es muy pequeño, por lo cual es muy vulnerable al efecto de la deriva genética y al incremento de la consanguinidad. Las hembras que han dejado descendencia identificada (Nh = 132), contribuyeron en promedio con 5,11 hijos cada una, siendo los extremos mínimo y máximo de 1 y 10 descendientes respectivamente. Los machos con descendencia identificada (Nm = 21), contribuyeron en promedio con 15,52 hijos cada uno (Tabla I) y el número promedio de hijos con los cuales contribuyo cada toro fundador fue de 17,33, aunque con un desbalance notorio entre la contribución de algunos toros como por ejemplo los toros 3023 y 3025 con 31 y 32 hijos cada uno respecto de los toros 53 y 59 con un solo hijo cada uno (Figura 2).

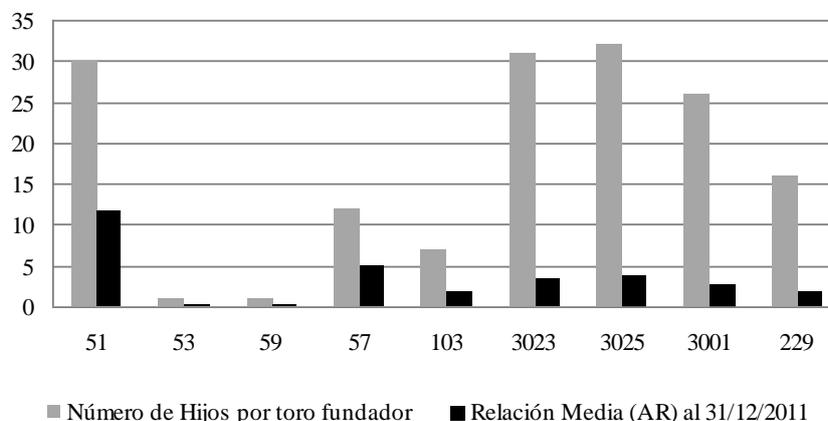


Figura 2. Contribuciones de los toros fundadores (*Contributions of the founding sires*)

En la misma figura se observa el coeficiente de Relación Media (AR) de cada fundador, es decir su porcentaje de contribución genética a la población o el porcentaje de población originado por él. En este caso, el AR mayor = 11,7 % corresponde al toro 51, aunque su número de hijos aportados no fue el mayor. Este toro no vive en la actualidad y tampoco tenemos semen disponible, fue utilizado durante los primeros años de la formación del núcleo genético mediante servicio natural y es el que mas aporte genético ha realizado al núcleo de conservación. En la Figura 3 se muestra la evolución del AR promedio por año de nacimiento de los machos y las hembras del núcleo genético. Para comprender esta figura, hay que tener en cuenta que el plantel se inició en el año 1996 con animales extraídos del P.N Los Glaciares y cuya edad fue estimada por cronometría dentaria y anillos en las astas, por lo cual existen hembras nacidas desde 1985 y machos recién en 1993 (Toro 51). La evolución indica que desde el año 1996 en adelante el AR se ha mantenido relativamente estable para machos y hembras, acentuándose esta tendencia a partir del año 2003 cuando se produce el ingreso de nuevos fundadores machos y hembras provenientes del P N Los Glaciares y que luego se consolida a partir del año 2004 con la implementación de la IATF y la utilización de una relación de 1 toro cada 8 o nueve vacas en servicio. La AR media del núcleo genético fue de 0,0346, el que se estima que en el futuro presentará una tendencia a incrementarse con mayor o menor nivel, de manera similar a lo ocurrido en las cinco razas bovinas autóctonas de Galicia denominadas morenas gallegas (Cachena, Caldelá, Frieiresa, Limiá y Vianesa) (Fernández *et. al.*, 2007).

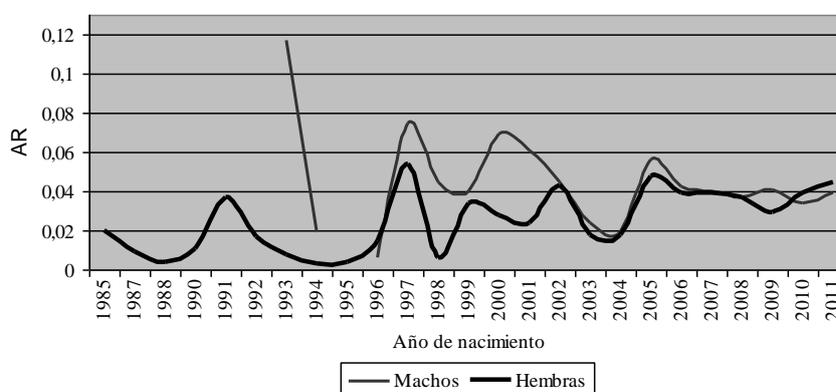


Figura 3. Coeficiente de relación media (AR) por año de nacimiento [*Coefficient relationship average (AR) by year of birth*]

En la Figura 4 se muestra la evolución de la cantidad de animales totales (machos y hembras) y la cantidad de animales consanguíneos de cada sexo, por fecha de nacimiento.

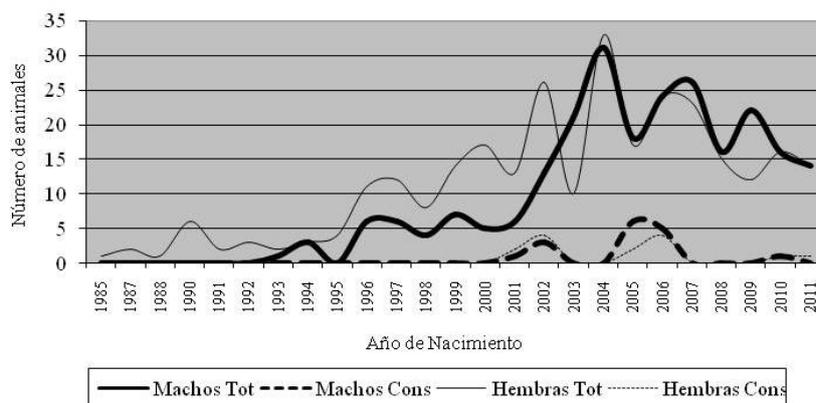


Figura 4. Número de animales totales y número de animales consanguíneos por año de nacimiento (*Total number of animals and number of inbred animals by year of birth*)

De los 239 machos, solo 16 resultaron consanguíneos (6,69 %) y del total de hembras (289), solo 14 (4,84 %). La consanguinidad media del núcleo genético ($F = 0,0061$), puede considerarse baja si tenemos en cuenta que el nivel de integridad genealógica es alto y lo comparamos con la consanguinidad media ($F = 0,042$) del banco

activo de bovinos criollos del INTA Balcarce estimado sobre un total de 1097 individuos en el período 1998-2010 (Melucci & Mezzadra, 2011). Las pérdidas de variabilidad genética se producen por generación, por lo cual en la medida que el intervalo generacional es menor, se acelera el proceso de pérdida de variación genética por unidad de tiempo. El IG promedio del CP fue de 5,62 años, siendo menor en la vía paterna y mayor en la vía materna especialmente en la vía madre-hija con 6,53 años (Tabla II). Estos valores concuerdan con los obtenidos para cuatro razas de bovinos criollos colombianos: Costeño con Cuernos (IG promedio=5,4 años) Sanmartinero (IG promedio=6,8 años), Blanco Orejinegro (IG promedio=4,7 años) y Romosinuano (IG promedio=5,7 años) (Martínez *et. al.*, 2008).

Tabla II. Intervalo generacional (IG) (años) en el núcleo de conservación de CP [*Generation interval (IG) (years) in the core of CP conservation*]

Vía	N	IG (años)	Error Estándar
Padre-Hijo	9	4,52	± 0,4082
Padre-Hija	53	4,63	± 0,3665
Madre-Hijo	12	5,74	± 1,024
Madre-Hija	67	6,53	± 1,161
	141	5,62	± 0,236

Conclusiones

Aunque el número de individuos fundadores ha sido pequeño, no se observan hasta el presente pérdidas importantes de diversidad genética debido al incremento de la consanguinidad, aunque se observa como importante la posibilidad de incorporar nuevos fundadores provenientes del P.N Los Glaciares.

Bibliografía

- Burrow H.M., 1993. The effects of inbreeding in beef cattle. *Anim. Breed. Abstr.* 65, 477-495.
- Fernández M., Justo J.R., Rivero C.J., Adán S., Rois D. & Lama J. 2007. Análisis de la Información genealógica en las razas bovinas morenas gallegas. *Archivos de Zootecnia.* 56 (Sup. 1), 607-615.
- Goyache F., Gutiérrez J.P, Fernández I., Gómez E., Álvarez I., Díez J. & Royo L.J 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.* 120, 95-103.
- Gutierrez J. P., Altarriba J., Díaz C., Quintanilla R., Cañón J. & Piedrafita J. 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* 35, 43-63.
- Gutiérrez J. P. & Goyache F. 2006. ENDOG v4.0 A computer Program for Monitoring Genetic Variability of Populations Using Pedigree Information.
- James J W. 1972. Computation of genetic contributions from pedigrees. *Theor. Appl. Genet.* 42, 272-273.
- 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. *J. Anim Sci.* 86, 545-552.
- Martínez R.D. 2008. Caracterización genética y morfológica del bovino criollo argentino de origen patagónico. Tesis doctoral. U.P.V España.
- Melucci L.M. & Mezzadra C.A. 2011. Variabilidad genética en el banco activo de bovinos criollos EEA INTA Balcarce. *AICA.* 1, 114-116
- Rodríguez C. A., Martínez R. D., Rumiano F. J. L., Rechimont R. & S.L Rabasa 1989. Bovino Criollo Argentino -biotipo patagónico-: Descripción y conservación". *Actas XX Congreso Argentino de Genética.* Bahía Blanca.
- Wright S. 1931. Evolution in mendelian populations. *Genetics* 16, 97-159.