

GESTIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS EN UN REBAÑO BOVINO TIPO DE DOBLE PROPÓSITO DE LA REGION DE PERIJÁ, VENEZUELA

MANAGEMENT OF GENETIC RESOURCES IN A BOVINE TYPICAL DUAL PURPOSE HERD OF PERIJA REGION, VENEZUELA

Pariacote F.A.^{1*}, Chirinos Z.², Zambrano R.³

¹Departamento de Producción Animal, Universidad Nacional Experimental Francisco de Miranda, UNEFM. Coro. Venezuela. *fpariaco@gmail.com

²Departamento de Zootecnia. Facultad de Agronomía, Universidad del Zulia, LUZ. Zulia. Venezuela.

³Decanato de Investigación. Universidad Nacional Experimental del Táchira, UNET. San Cristóbal. Táchira. Venezuela

Keywords:

Bovine
Crossbreeding
cattle
Direct breed
structure
Heterozygosity
coefficient

Palabras clave:

Bovinos
Ganado cruzado
Estructura racial
directa
Coeficiente de
heterocigosis

Abstract

The breed structure were estimated in a bovine typical dual purpose herd, located in an area of Tropical Dry Forest, with a rain fall and temperature yearly average of 1100 mm and 28 °C respectively. The sample was built by all females born since 1990 until 2007 with at least one calving in the herd, n=1421. The fraction of alleles of a breed was estimated from the paternal and maternal fraction of that breed; and the loci fraction with a particular combination of alleles or genotype (gij) from the allelic frequency in the parents; where i=1,2..n, and j=1,2...m, stand for the paternal and maternal fraction of alleles of the corresponding breed respectively. Each expected genotype in the descendant, g11,...gnm, takes the values of the fraction of loci with that particular combination of alleles. Twelve genotypes were identified. Out of the 78 expected genotypes, only 15 had frequencies greater than 0.01. The most abundant genes come from Brahman, Holstein, and Brown Swiss breeds, the highest proportion of which being located in heterozygous. The heterozygosity coefficient averaged 0.67, and the highest fractions of heterozygous loci were Holstein x Brahman with 0.24 and Brahman x Brown Swiss with 0.13. The Holstein alleles were the most constant in the lapse and the decreasing proportion of the Brown Swiss genes is compensated by the increasing of the Brahman's. Results are indicative that crossbreeding has been, during the evaluated lapse, the use given to the genetic resource available in the herd.

Resumen

La estructura racial fue estimada en un rebaño tipo de doble propósito, localizado en una Zona de Bosque Seco Tropical, con una precipitación y temperatura promedio anual de 1100mm y 28°C, respectivamente. La muestra estuvo conformada por todas las hembras nacidas en los años 1990 al 2007 con al menos un parto en el rebaño, n=1421. La fracción de alelos de una raza fue estimada a partir de la paterna y materna; y la fracción de loci con una particular combinación de alelos o genotipo (gij) a partir de la fracción alélica en los padres; donde i=1,2,..n y j=1,2,...m toman los valores de fracción de alelos de la correspondiente raza en el padre y en la madre respectivamente. Cada genotipo esperado en la descendencia, g11,... gnm, toma los valores de fracción de loci con esa particular combinación de alelos. Doce genotipos fueron identificados, y de los 78 genotipos posibles sólo 15 tuvieron frecuencia superior de 0,01. Los genes más abundantes fueron de Brahman, Holstein, y Pardo Suizo, y la mayor proporción de los cuales fue localizada en heterocigóticos. El coeficiente de heterocigosis promedio fue de 0,67, y los más altos fueron Holstein x Brahman con 0,24 y Brahman x Pardo Suiza con 0,13. Los alelos de Holstein fueron los más constantes en el lapso, y el decrecimiento del Pardo Suizo es compensado por el Brahman. Lo observado es indicativo de que el cruzamiento ha sido, durante el lapso evaluado, la opción de gestión del recurso genético en el rebaño.

Introducción

El Recurso Genético (RecG) es uno de los bienes más preciados de un país, particularmente por su vínculo con la seguridad alimentaria (Scherft, 2000), cuya gestión ha variado en el tiempo y entre países (Pariacote, 2007).

Posterior a 1940, surgen los modelos intensivos de producción basados en altos rendimientos por animal; y el éxito alcanzado en los países desarrollados, hizo que estos modelos fueran promovidos por los organismos internacionales como modelo de desarrollo en el mundo (Hodges, 2000). Por consiguiente, la introducción de RecG de alto rendimiento pasa a ser el criterio casi exclusivo de mejoramiento genético y de desarrollo; y es probable que, además del atractivo de la complementariedad y de la heterosis en la primera generación, las posibilidades de negocio asociadas con la importación también hayan contribuido a su difusión y aceptación por parte de los productores (Pariacote, 2000). Producto de este constante cruzamiento del RecG local con RecG recientemente introducido surge en Venezuela, el actual mosaico conformado por cruza multirraciales denominado de “Doble Propósito” (Acosta, 2007; González-Jiménez, 2007; Hahn, 2010). Esta práctica, común en muchos países tropicales (Chirinos, 2008; Hahn, 1998; Madalena *et al.*, 1990; Madalena, 2002; Pariacote *et al.*, 1997; Pariacote, 2000), lejos de mejorar, como era el supuesto inicial, se ha convertido en la principal fuente de erosión del RecG Criollo (Pariacote, 2000, 2007, 2008, y 2011). El presente trabajo evalúa la gestión de RecG en un rebaño bovino tipo de doble propósito en la región de Perijá, Venezuela.

Materiales y Métodos

Muestra

La muestra evaluada proviene de un rebaño bovino tipo de doble propósito de la región de Perijá, localizado en una zona de Bosque Seco Tropical, con una precipitación y temperatura promedio anual de 1100 mm y 28 °C respectivamente, y estuvo conformada por todas las hembras nacidas en los años 1990 al 2007 con al menos un parto en el rebaño, $n = 1421$.

Estructura Genética

Una serie de subrutinas elaboradas en dBASE Plus 2.7.0.3 fueron necesarias para leer los registros provenientes del rebaño y transformar los campos de identificación de raza en fracciones de genes y de *loci*. La fracción de alelos de la raza “i” en la descendencia (fd_i) es estimada a partir de la fracción de alelos de esa raza en el padre (fp_i) y la madre (fm_i); $fd_i = 1/2fp_i + 1/2fm_i$, donde:

$$\sum_{i=1}^n fd_i = 1$$

Por su parte, la fracción de *loci* con una particular combinación de alelos de las distintas razas o genotipo (g_{ij}) es estimada a partir de la fracción alélica en los padres y de la relación entre frecuencia alélica y genotipo (Pariacote, 2012); donde $i=1, \dots, n$ y $j=1, \dots, m$ toman los valores de fracción de alelos en el padre y en la madre, correspondientes a una raza en particular, respectivamente. Cada genotipo esperado en la descendencia, $g_{11}, \dots, g_{1j}, \dots, g_{ni}, \dots, g_{nm}$, toma los valores de fracción de *loci* con esa particular combinación de alelos, donde:

$$\sum_{ij=11}^{nm} g_{ij} = 1$$

El número de genotipos diferentes va a depender del número de razas involucradas. Para $n \leq m$, habrá $n(n+1)/2 + (m-n)n$ genotipos diferentes. La esperanza de que de un determinado cruce surja uno de estos genotipos está determinada por la estructura racial de los padres. Si los padres son de la misma raza, no habrá oportunidad alguna de que surjan *loci* o genotipos heterocigóticos; y si son puros de razas diferentes, la fracción de *loci* heterocigóticos en la descendencia será igual a la unidad.

Análisis

Cada fracción de alelos (fd_i) y de *loci* con una particular combinación de alelos (g_{ij}) fue analizada por medio del “Proc Means” de SAS®, general y por año de nacimiento. El promedio de fd_i y g_{ij} representan la frecuencia alélica y genotípica en la muestra, respectivamente.

Resultados y discusión

Genes provenientes de 12 razas o grupos genéticos diferentes fueron identificados en la composición racial directa de la muestra, de los cuales sólo ocho conformaron genotipos homocigóticos. Del total de 78 genotipos diferentes posibles, 17 tuvieron frecuencia de cero, y 63 de menor de 0,01. Sólo 15, un 19% del total de genotipos, tuvieron frecuencia superior a 0,01. En la tabla I, se presenta la estructura genética en la muestra para razas definidas cuya contribución al total de alelos superó el 1%. Aproximadamente un 80% del conglomerado total de genes proviene de las razas Brahman, Holstein, y Pardo Suiza, con fracciones particulares de 0,4037; 0,2647; y 0,1303 respectivamente. Con la excepción del Brahman, más de dos tercios de

los genes de todas las razas son localizados en forma heterocigótica (tabla I). Esta composición racial difiere significativamente de otras observadas en otras regiones lecheras del país. Pariacote *et al.* (1997) y Noroño *et al.* (2004) reportan en rebaños orientados hacia la producción de leche frecuencias de genes de razas lecheras recientemente introducidas, Holstein y Pardo Suizo, superior al 50%, con baja proporción de genes Cebú. Los genotipos más abundantes fueron Brahman-Holstein, Brahman-Brahman, Brahman-Pardo Suizo, Holstein-Holstein, Holstein-Pardo Suizo, y Pardo Suizo-Pardo Suizo, representando dos tercios del total, con valores promedio de 0,2410; 0,1652; 0,1355; 0,0822; 0,0514; y 0,0218 respectivamente. Es estimable de la tabla I, que el coeficiente de heteocigosis promedio es de aproximadamente dos tercios, el cual corresponde con el teórico esperado de un cruce alterno con dos razas. Los alelos de Brahman, Holstein y Pardo Suiza fueron también los más constantes, oscilando en el lapso entre 0,27 y 0,53; 0,10 y 0,30; y 0,08 y 0,40 respectivamente.

Tabla I. Estructura genética en la muestra para razas definidas (*Genetic structure in the sample for defined breeds*)

Genotipo, g_{ij}	Número Relativo de Alelos								
	Raza	f_r	E.T.	BB	GG	UU	HH	PP	XX
Brahman, BB		0,1652 ± 0,0039		0,3304	0	0	0	0	0
Gyr, GG		0,0000 ± 0,0000		0	0,0000	0	0	0	0
Gucera, UU		0,0001 ± 0,0000		0	0	0,0002	0	0	0
Holstein, HH		0,0822 ± 0,0000		0	0	0	0,1644	0	0
Pardo Suizo, PP		0,0218 ± 0,0019		0	0	0	0	0,0436	0
Otras razas, XX		0,0659 ± 0,0067		0	0	0	0	0	0,1318
Brahman x Gyr, BG		0,0118 ± 0,0016		0,0118	0,0118	0	0	0	0
Brahman x Guceca, BU		0,0115 ± 0,0011		0,0115	0	0,0115	0	0	0
Brahman x Holstein, BH		0,2410 ± 0,0053		0,2410	0	0	0,2410	0	0
Brahman x Pardo Suizo, BP		0,1355 ± 0,0048		0,1355	0	0	0	0,1355	0
Brahman x Otras, BX		0,0772 ± 0,0071		0,0772	0	0	0	0	0,0772
Gyr x Guceca, GU		0,0003 ± 0,0001		0	0,0003	0,0003	0	0	0
Gyr x Holstein, GH		0,0078 ± 0,0012		0	0,0078	0	0,0078	0	0
Gyr x Pardo Suizo, GP		0,0032 ± 0,0006		0	0,0032	0	0	0,0032	0
Gyr x Otros, GX		0,0032 ± 0,0011		0	0,0032	0	0	0	0,0032
Gucera x Holstein, UH		0,0074 ± 0,0007		0	0	0,0074	0,0074	0	0
Gucera x Pardo Suizo, UP		0,0017 ± 0,0005		0	0	0,0017	0	0,0017	0
Gucera x Otras, UX		0,0022 ± 0,0005		0	0	0,0022	0	0	0,0022
Holstein x Pardo Suizo, HP		0,0514 ± 0,0024		0	0	0	0,0514	0,0514	0
Holstein x Otras, HX		0,0574 ± 0,0050		0	0	0	0,0574	0	0,0574
Pardo Suizo x Otras, PX		0,0252 ± 0,0034		0	0	0	0	0,0252	0,0252
Otros cruces		0,0280 ± 0,0020		0	0	0	0	0	0,0560
Total		1		0,8539	0,0728	0,0698	0,5759	0,3071	0,3995
Frecuencia alélica				0,4037	0,0132	0,0117	0,2647	0,1303	0,1765
Fracción en heterocigóticos				0,4092	0,0000	0,0086	0,3105	0,1673	0,3734
Fracción en homocigóticos				0,5908	1,0000	0,9914	0,6895	0,8327	0,6266

f_r =Frecuencia relativa de los genotipos.

La figura 1, exhibe la tendencia lineal de la frecuencia de genes Brahman (1a), Holstein (1b), Pardo Suizo (1c), en la población paterna, materna y directa; y la figura 1d la tendencia en la población directa de los genes de estas tres razas en el lapso evaluado. La mayor proporción de genes de Brahman y de Holstein fue observada en la población paterna, ambas con tendencia a aumentar; aunque, el incremento de los genes Brahman es superior al de los genes Holstein. Igual tendencia es observada en la población materna, aunque la proporción de genes Brahman aumenta a mayor tasa en la población materna que en la paterna. Es decir, cada vez hay relativamente mayor proporción de genes Brahman en la población materna en relación con la paterna. Mientras que lo contrario ocurre con los genes Holstein, el aumento en la población materna es relativamente menor que el observado en la población paterna. La proporción de genes Pardo Suizo, contrario a lo anterior, es mayor en la población materna y tiende a decrecer. Cada vez hay menos genes Pardo Suizo en la población paterna. En

general, puede apreciarse en la figura 1d, que la proporción de genes Holstein en el lapso evaluado ha sido más o menos constante, y el decrecimiento observado en la proporción de genes Pardo Suizo ha sido compensado por el incremento en la proporción de genes Brahman.

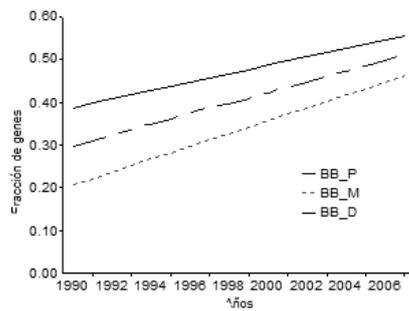


Figura. 1a. Genes Brahman

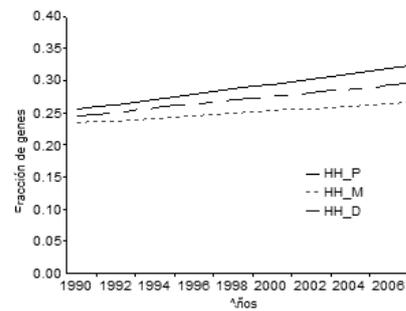


Figura. 1b. Genes Holstein

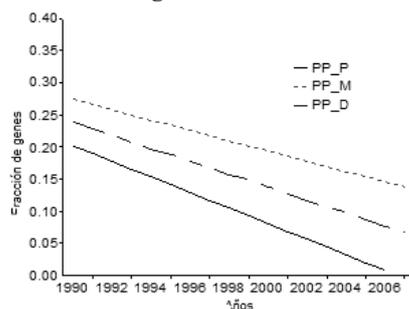


Figura. 1c. Genes Pardo Suizo

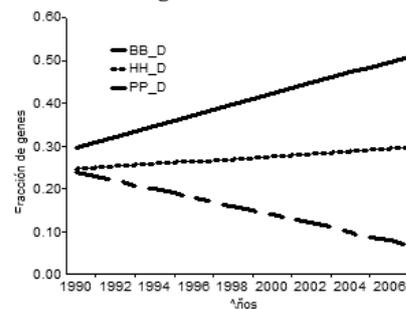


Figura. 1d. Genes por raza

Figura 1. Tendencia de genes de las principales razas en la población paterna (P), materna (M) y descendiente (D) en el lapso evaluado (*Trend of genes from major breeds in the paternal (P), maternal (M) and descendants (D) populations for the period assessed*).

Conclusiones

El RecG usado en la muestra evaluada proviene fundamentalmente de las razas Brahman, Holstein, y Pardo Suizo; y la mayor proporción de genes de esas razas está localizada en forma heterocigótica. El coeficiente de heterocigosis observado corresponde al teórico esperado de un cruce alterno con dos razas. Lo observado es indicativo de que el cruzamiento ha sido, durante el lapso evaluado, la opción de gestión del recurso genético en el rebaño.

Agradecimientos

Los autores desean expresar su agradecimiento al Consejo de Desarrollo Científico y Humanístico de la Universidad del Zulia (Proyecto CONDES-LUZ No. CC-0575-10) por la subvención económica otorgada al proyecto.

Bibliografía

- Acosta G., R. A. 2007. Bovinos de carne. En: Los Recursos Zoogenéticos de Venezuela. Eduardo González-Jiménez y Francisco Bisbal (eds). Ministerio del Poder Popular para el Ambiente. Capítulo I: 110 – 165.
- Chirinos, Z. 2008. Razas locales: Alternativa Genética en la Ganadería Bovina de Doble propósito. XIX Congreso Nacional de Ciencias Veterinarias. 25 septiembre. Puno. Perú. Memorias del Congreso, 29-32 pp.
- González-Jiménez, E. 2007. Bovinos de leche. En: Los Recursos Zoogenéticos de Venezuela. Eduardo González-Jiménez y Francisco Bisbal (eds). Ministerio del Poder Popular para el Ambiente. Capítulo I: 92 - 109.
- Hahn, M. 1998. Evaluación económica de los cruzamientos en la ganadería de Doble Propósito En: Avances de la Ganadería de Doble Propósito. C. González - Stagnaro, E. Soto Belloso, L Ramírez Iglesia (eds). Fundación GIRARZ. Ediciones Astro Data S.A . Maracaibo. Cap. X: 151-160.
- Hahn K., M. 2010. El recurso genético bovino en Venezuela. En: XII Jornadas Científico Técnicas de la Facultad de Agronomía y I Congreso Internacional en Ciencias Agrarias, FORO sobre Recursos

Genéticos Locales. Comp. Fac. Agron. (LUZ) Memoria 37

- Hodges, J. 2000. Conservation of farm animals biodiversity: a review of past, present and future. En: proceeding of the 5th Global Conference on the Conservation of Domestic Animal Genetic Resources. Brasilia, November 20 - 24 of 2000.
- Madalena, F. E. 2002. Cruces entre Razas Bovinas para la Producción Económica de Leche. III Curso Internacional de Ganadería de Doble Propósito. En: Memorias XI Congreso Venezolano de Producción e Industria Animal. Valera, 22 - 26 de octubre de 2002.
- Madalena, F. E., R. L. Teodoro, A. M. Lemos, J.B.N. Monteiro And R. T. Barbosa. 1990. Evaluation of Strategies for Crossbreeding of Dairy Cattle in Brazil. *J Dairy Sci* 73:1881-1901
- Noroño, C., F. A. Pariacote y G. García. 2004. Composición racial directa y escala de producción de leche en rebaños bovinos típicos del estado Falcón. En: XII Congreso Venezolano de Producción e Industria Animal, Maracay, 22 de noviembre de 2004. Resumen: 24
- Pariacote, F. A. 2000. Riesgos de extinción del conglomerado nativo de genes bovinos en América Latina: caso Venezuela. *Arch. Zootec.* 49: 17-26.
- Pariacote, F. A. 2007. Desarrollo Sostenible de Sistemas de Producción Animal y los RecG Locales en Iberoamérica: caso Venezuela. En: Memorias del VIII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos. Red XII-H del CYTED y Universidad Técnica Estatal de Quevedo. Quevedo, Ecuador, Noviembre 2007: 22 - 35.
- Pariacote, F. A. 2008. Perspectivas de mejoramiento genético del bovino Criollo. En: Perspectivas de Conservación: Mejoramiento y Utilización de Recursos Genéticos Criollos y Colombianos en los Nuevos Escenarios del Mejoramiento Animal. Carlos Vicente Durán Castro y Rómulo Campos Gaona (eds.) Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira. pp:17-30
- Pariacote, F. A. 2011. Sostenibilidad del Recurso Genético Usado para la Producción de Leche en Venezuela. En: III Jornadas de Rumiantes, Reproducción y Genética. Facultad de Ciencias Forestales y Ambientales, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, ULA. Mérida, 14 - 15 de julio de 2011.
- Pariacote, F. A. 2012. How to estimate additive and non-additive genetic effects in crossbred herds by (co)variance. XI International Conference on Goat. IGA. Gran Canaria, Spain, September of 2012. Accepted
- Pariacote, F.A., L.D. Van Vleck, A. Flores, M. Hahn y J. R. Martínez L. 1997. Contribución genética directa de grupo racial sobre producción de leche en ambientes tropicales. *Arch. Lat. Prod. Anim.*, 5 (Supl. 1): 546-548.
- SAS. 2003. Users guide for windows environment. 9.1 Ed, Cary, SAS Institute Inc.
- Scherf, B. (ed.) 2000. World watch list for Domestic Animal Diversity. 3ra. Ed. FAO.