



## Estudio filogenético de bovinos criollos latinoamericanos

Raschia MA, Poli MA

Instituto de Genética "Ewald A. Favret", CICVyA, INTA, Hurlingham, Buenos Aires, Argentina.

### INTRODUCCIÓN

Los bovinos criollos son descendientes de aquellos traídos por los españoles durante la colonización y sometidos a selección natural, artificial y cruzamientos muy variables dependiendo de los países. Algunos constituyeron razas definidas por color y otros conservaron una gran diversidad de colores y formas. En general muestran gran adaptación a los diferentes ambientes.

### OBJETIVO

➤ Realizar un análisis filogenético preliminar con el fin de identificar agrupaciones entre bovinos criollos de América Latina y dentro de Argentina.

### MATERIALES Y MÉTODOS

Se genotipificaron 44 bovinos criollos de Argentina, Colombia, Islas Guadalupe, Paraguay y Uruguay con el chip GeneSeek® Genome Profiler Bovine 150 K v2, y como grupos externos 5 toros Holando y 5 Jersey con el chip BovineSNP50 v2 BeadChip de Illumina. Para el análisis se utilizaron los 52 animales y 33.974 SNPs autosómicos compartidos por los dos chips que superaron el control de calidad de genotipos (tasa de genotipificación<sub>anim</sub> ≥ 80%, tasa de genotipificación<sub>SNPs</sub> ≥ 90%, frecuencia alélica mínima ≥ 3%, p-valor del test exacto para detectar desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg ≥ 1.10<sup>-4</sup>). Se construyó la matriz de distancias genéticas en base a la proporción de alelos idénticos por estado (IBS) compartidos entre pares de animales utilizando PLINK. Mediante el método *neighbor-joining* se construyó un árbol filogenético en base a estas distancias con el paquete PHYLIP y se le dio formato para su visualización con el programa Fig Tree (Figura 1). Por otro lado, se realizó un análisis de escalamiento multidimensional (MDS) a partir de las distancias genéticas entre las 18 poblaciones mediante PLINK. Los datos, reducidos a tres dimensiones, se representaron utilizando el programa SPSS (Figura 2).

### RESULTADOS

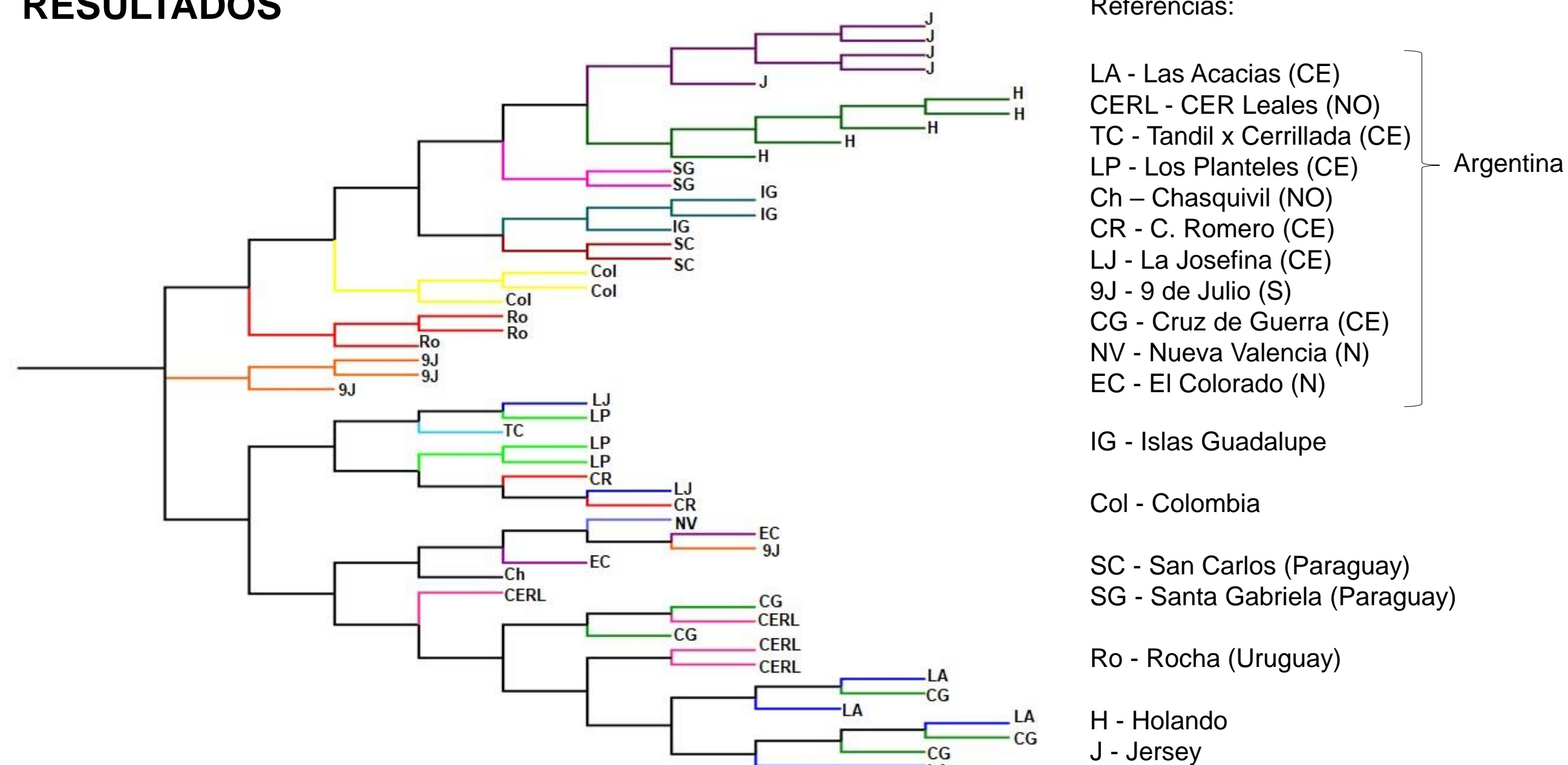
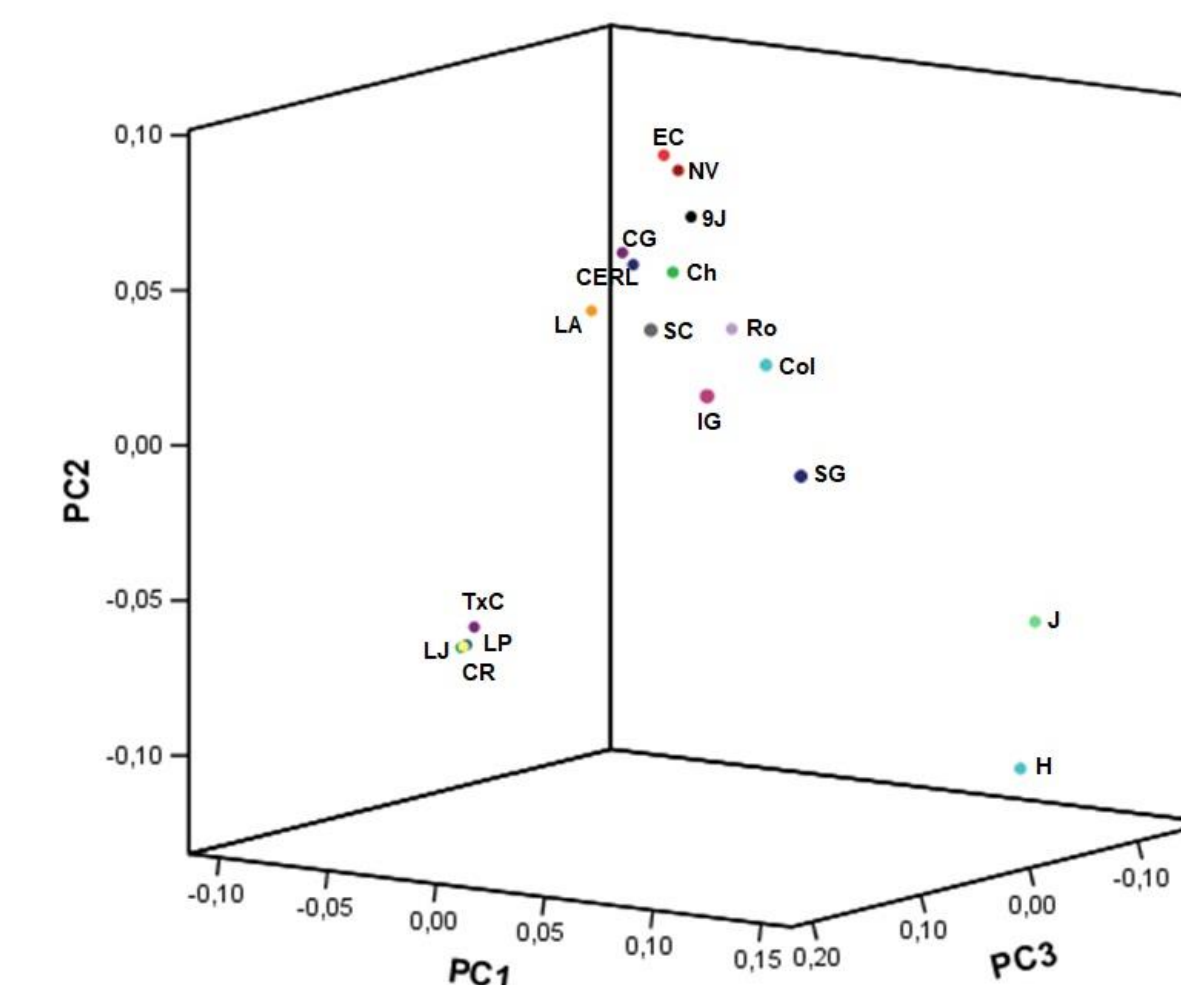


Figura 1. Árbol filogenético construido en base a distancias genéticas entre individuos estimadas según proporción de alelos IBS compartidos. Las ramas se colorearon según el origen de cada animal.

Figura 2. Representación gráfica mediante MDS de las distancias genéticas entre las poblaciones de cada origen, según proporción de alelos IBS compartidos.



### CONCLUSIÓN

El árbol filogenético obtenido permite diferenciar dentro de Argentina el origen de los animales del centro-este (CE) y noroeste (NO) pertenecientes a los fundadores en la Asociación Argentina de Criadores de Ganado Bovino Criollo, de los de la Patagonia (S). Los animales del resto de los países también están claramente diferenciados.