

**A**CTAS  
**I**BEROAMERICANAS DE  
**C**ONSERVACIÓN  
**A**NIMAL

REVISTA OFICIAL DE LA RED DE CONSERVACIÓN  
DE LA BIODIVERSIDAD DE LOS ANIMALES  
DOMÉSTICOS (RED CONBIAND)

AICA. Volumen 2 (2012): 1 - 868

ISSN: 2253-7925



**A**CTAS  
**I**BEROAMERICANAS DE  
**C**ONSERVACIÓN  
**A**NIMAL

### **Consejo Editorial**

Nuno Carolino (*Portugal*)

Roberto Martínez (*Paraguay*)

Sergio Nogales (*España*)

Vincenzo Landi (*Italia*)

Juan Vicente Delgado (*España*)

### **Editores Sectoriales**

Jordi Jordana (*España*) - Biotecnología aplicada a la conservación

José Manuel Perea (*España*) - Economía y gestión ganaderas

Norma Ribeiro (*Brasil*) - Etnozootecnia y conocimiento popular tradicional ganadero

Ángel Sierra (*México*) - Genética de razas locales

María Fresno (*España*) - Productos tradicionales animales de razas locales

Luis Gama (*Portugal*) - Programas de conservación de la biodiversidad de los animales domésticos

Gabriel Fernández (*Uruguay*) - Programas y estrategias de selección de razas domésticas

Jose Robson B. Sereno (*Brasil*) - Reproducción asistida y bancos de germoplasma

Cecilia Escobar (*Panamá*) - Sanidad animal

Nilton Gómez Urviola (*Perú*) - Seguridad y soberanía alimentaria

Cecilio Barba (*España*) - Sistemas ganaderos sustentables y desarrollo ganadero

**Correspondencia:** Red Combiand. Edificio Gregor Mendel (C-5). Campus de Rabanales. Universidad de Córdoba. 14071-Córdoba. España.

**Teléfono:** 0034957218706

**Dirección correo electrónico:** [aicaredconbiand@hotmail.com](mailto:aicaredconbiand@hotmail.com)

**Depósito legal:** CO-1364-2011

**ISSN (versión impresa):** 2253-7325

**ISSN (versión web – online):** 2253-9727

**Edita:** Asociación sobre la Conservación de la Biodiversidad de los Animales Domésticos Locales para el Desarrollo Rural Sostenible (RED CONBLAND).

**Impresa por:** Altilis S.L.

España / Octubre, 2012

Versión impresa

---

## **ORGANISMOS PATROCINADORES DE LA VERSIÓN IMPRESA**

### **Actas Iberoamericanas de Conservación Animal (año 2012)**

- CENTRO MULTIDISCIPLINARIO DE INVESTIGACIONES TECNOLÓGICAS, DIRECCIÓN GENERAL DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA Y TECNOLÓGICA DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE ASUNCIÓN - CEMIT/DGICT/UNA
- FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE ASUNCIÓN - FCV/UNA
- VICE MINISTERIO DE GANADERÍA, MINISTERIO DE AGRICULTURA Y GANADERÍA - VMG/MAG
- ASOCIACIÓN PARAGUAYA DE CRIADORES DE PAMPA CHAQUEÑO - APCPCH
- FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES - FACEN/UNA
- RED CONBIAND IBEROAMERICA Y RED CONBIAND PARAGUAY
- FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS, UNIVERSIDAD NACIONAL DE ASUNCIÓN - FCA/UNA
- INSTITUTO PARAGUAYO DE TECNOLOGÍA AGRARIA - IPTA/PY

**A**CTAS  
**I**BEROAMERICANAS DE  
**C**ONSERVACIÓN  
**A**NIMAL

---

*Índice*

<b>ARTÍCULOS INVITADOS</b>	17
CONSERVACIÓN Y UTILIZACIÓN DE LOS RECURSOS GENÉTICOS DE LOS ANIMALES DE GRANJA	19
LA GALLINA DE RANCHO Y EL CALDO DE GALLINA COMO ELEMENTOS DE IDENTIDAD CAMPESINA FRAILESCANA	25
LA PUREZA RACIAL Y LA CONSERVACIÓN DE RECURSOS CRIOLLOS EN LOS ESTADOS UNIDOS	35
<b>GENÉTICA DE RAZAS LOCALES</b>	43
DIMENSIONES DE LOS INCISIVOS PERMANENTES CENTRALES DEL BOVINO CRIOLLO PATAGÓNICO Y DE OTROS GRUPOS RACIALES	45
CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE LOS RASGOS CORPORALES USADOS EN LA EVALUACIÓN LINEAL DE LA RAZA BOVINA CARORA	51
CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y FANERÓPTICA DE LA CABRA APURIMEÑA PERUANA	57
RELEVAMIENTO MORFOLOGICO DE OVINOS CRIOLLOS EN CUATRO REGIONES DE LA ARGENTINA. INFORME PRELIMINAR	61
CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA DE LA RAZA OVINA CRIOLLA CHILOTA Y DOS RAZAS OVINAS PREDOMINANTES EN EL SUR DE CHILE	67
CARACTERIZAÇÃO DE PÔNEIS DA RAÇA BRASILEIRA ATRAVÉS DE MEDIDAS LINEARES	71

---

INDICADORES PRODUCTIVOS DE HEMBRAS CAPRINAS EN EL OESTE DE FORMOSA, ARGENTINA	75
CARACTERIZACIÓN ZOMÉTRICA EN EL CERDO PAMPA ROCHA DE URUGUAY (DESCRIPTIVA PRIMARIA)	83
ESTUDIO PARA LA CARACTERIZACIÓN DE LA OVEJA CRIOLLA EN LA REGIÓN SEMIÁRIDA DE FORMOSA, ARGENTINA	87
ESTUDO PRELIMINAR SOBRE O DIMORFISMO SEXUAL DO PATO CINZA DO CATOLÉ ( <i>Cairina moschata</i> )	95
INCUBABILIDADE E COLORAÇÃO DA CASCA DOS OVOS DE REPRODUTORAS PELOCO ( <i>Gallus gallus domesticus</i> )	99
CARACTERIZACIÓN DEL CERDO CRIOLLO DE LA REGIÓN CHIORTI DEL DEPARTAMENTO DE CHIQUIMULA, GUATEMALA	103
USO DE CARACTERES MORFOMÉTRICOS EN LA CLASIFICACIÓN DE GALLINAS LOCALES	109
CARACTERIZAÇÃO DOS REBANHOS DE SUÍNOS EM SISTEMA FAXINAL	115
CATEGORIZACIÓN MORFOMÉTRICA DE LAS OREJAS DE BOVINOS PAMPA CHAQUEÑO DE PARAGUAY	119
PROPUESTA PRELIMINAR DE METODOLOGÍA PARA LA EVALUACIÓN DEL LENGUAJE CORPORAL EN SU APTITUD PARA EL ENTRENAMIENTO EN LA RAZA ASNAL ANDALUZA	123



<b>PROGRAMAS DE CONSERVACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD DE LOS ANIMALES DOMÉSTICOS</b>	<b>129</b>
GENEALOGÍA DEL NÚCLEO DE CONSERVACIÓN DE BOVINOS CRIOLLOS ARGENTINOS DE ORIGEN PATAGÓNICO	131
GESTIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS EN UN REBAÑO BOVINO TIPO DE DOBLE PROPÓSITO DE LA REGION DE PERIJÁ, VENEZUELA	137
ESTRATEGIAS DE MANEJO DEL RECURSO GENÉTICO CAPRINO EN PUEBLA, MÉXICO	143
ANÁLISIS DEMOGRÁFICO DEL CABALLO DE LAS RETUERTAS COMO BASE PARA EL DESARROLLO DE SU PROGRAMA DE CONSERVACIÓN	147
RECUPERACIÓN DE LA OVEJA LINCA EN LA PATAGONIA ARGENTINA	151
DISEÑO DE UN PROGRAMA DE CONSERVACIÓN DE UN HATO DE CRIOLLO YACUMEÑO ASISTIDO POR MARCADORES GENÉTICOS EN SANTA CRUZ – BOLIVIA	155
 <b>REPRODUCCIÓN ASISTIDA Y BANCOS DE GERMOPLASMA</b>	 <b>161</b>
DIAGNÓSTICO PARTICIPATIVO DE HEMOTRÓPICOS EN BOVINOS A NIVEL DE PEQUEÑOS PRODUCTORES Y PRODUCTORAS DE GANADERÍA DOBLE PROPÓSITO EN EL SUR DEL ESTADO ARAGUA EN LA REPÚBLICA BOLIVARIANA DE VENEZUELA	163
CARACTERIZACIÓN DE LOS SISTEMAS DE PRODUCCIÓN CAPRINOS PRESENTES EN EL MUNICIPIO DE JORDAN, SANTANDER, COLOMBIA	171
EFECTO DE LA EDAD EN LA SUPERVIVENCIA Y FERTILIDAD DE REINAS DE <i>Apis mellifera iberiensis</i> INTRODUCIDAS EN NÚCLEOS DE FECUNDACIÓN	175

EFEECTO DE LA TEMPERATURA AMBIENTAL EN LA CALIDAD SEMINAL DE TOROS PAMPA CHAQUEÑO CRIADOS BAJO CONDICIONES DE CAMPO EN LA REGIÓN OCCIDENTAL, CHACO PARAGUAYO, EN LAS DIFERENTES ESTACIONES DEL AÑO	181
EVALUACIÓN FENOTÍPICA Y SEMINAL CON FINES DE CONSERVACIÓN DEL BOVINO "ENCERADO" PRESENTE EN LA REGIÓN ALTO ANDINA DEL ECUADOR	185
<b>BIOTECNOLOGÍA APLICADA A LA CONSERVACIÓN</b>	<b>191</b>
POLIMORFISMO GENÉTICO DE LA BETA-LACTOGLOBULINA EN OVEJAS TROPICALES EN VENEZUELA Y SU EFECTO SOBRE LA PRODUCCIÓN LÁCTEA	193
DETECÇÃO DE POLIMORFISMOS NO EXON14 DO GENE CAPNI EM RAÇAS BOVINAS EUROPÉIAS, ZEBUÍNAS E SEUS MISTIÇOS	197
VARIABILIDAD GENÉTICA EN EL CERDO PAMPA ROCHA DE URUGUAY	203
DIVERSIDAD Y RELACIONES GENÉTICAS ENTRE POBLACIONES ASNALES IBEROAMERICANAS	207
CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE RAÇAS NATIVAS E COMERCIAIS DE OVINOS COM BASE EM SNPs NO GENE LEPTINA	215
POLIMORFISMO DE BASE ÚNICA NO GENE DA TIREOGLOBULINA RELACIONADO AO MARMOREIO CÁRNEO EM BOVINOS DA RAÇA PANTANEIRA	221
DIVERSIDAD GENETICA EN OVEJAS DE LOS HUMEDADES DE LA REGIÓN ORIENTAL DEL PARAGUAY	227
TIPIFICACIÓN DE LAS FRECUENCIAS DE LOS GENES CALPAINA, CALPASTATINA Y LEPTINA EN BOVINOS CRIOLLOS COLOMBIANOS	231

<b>PRODUCTOS TRADICIONALES DE RAZAS LOCALES</b>	235
EFFECTO DE LA EDAD DE DESTETE Y DEL SISTEMA DE CRIA SOBRE LAS CARACTERÍSTICAS SENSORIALES DE LA CARNE AMPARADA POR LA IGP "TERNERA GALLEGA"	237
CARACTERIZACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE QUESO EN LAS ISLAS CANARIAS (ESPAÑA)	243
CALIDAD SANITARIA DEL "CHIARAL" ( <i>Menidia jordani</i> ) Y TORTILLA DE MAÍZ EN LA ALIMENTACIÓN MEXICANA	249
EL QUESO FRESCO ARTESANAL DE LA CANASTA BÁSICA Y SU CALIDAD SANITARIA EN TUZUAPAN, MEXICO	253
<b>SISTEMAS GANADEROS SUSTENTABLES Y DESARROLLO GANADERO</b>	257
DETERMINACIÓN DEL RIESGO RELATIVO DE DESCARTE EN UN REBAÑO DE VACAS MESTIZAS DOBLE PROPÓSITO EN VENEZUELA	259
EL TRASPATIO FOMENTADO COMO UNA OPCIÓN DE PRODUCCIÓN SUSTENTABLE POR UN COLECTIVO DE CONBIAND	263
UNA PROPUESTA PARA LA CALIFICACIÓN FUNCIONAL-DEPORTIVA DEL GALLO COMBATIENTE ESPAÑOL	267
DETERMINACIÓN DE CONSTANTES FISIOLÓGICAS EN MULARES DE CARGA DEL MUNICIPIO DE VALLE DE SAN JOSÉ, COLOMBIA	271
SISTEMA DE PRODUCCIÓN DE RUMIANTES MENORES EN COCHABAMBA - BOLIVIA	275

---

RENDIMIENTO A LA FAENA EN POLLOS PROVENIENTES DE DOS GENOTIPOS DE REPRODUCTORES CAMPERO INTA	279
COMPORTAMIENTO PRODUCTIVO DE POLLOS PROVENIENTES DE DOS GENOTIPOS DE REPRODUCTORES CAMPERO INTA	283
FORRAJERAS TROPICALES Y BANANO MADURO ( <i>Musa paradisiaca</i> ) EN EL ENGORDE DE CUYES ( <i>Cavia porcellus L.</i> ) EN EL CANTÓN QUEVEDO	287
<b>SEGURIDAD Y SOBERANÍA ALIMENTARIA</b>	<b>291</b>
CARACTERIZACIÓN DE LOS SISTEMAS PRODUCTIVOS CAPRINOS EN EL MUNICIPIO DE VILLANUEVA, SANTANDER	293
ESTRATEGIAS EN AVICULTURA FAMILIAR CON CODORNICES ( <i>Coturnix coturnix japonica</i> ) EN EL ESTADO ARAGUA, REPÚBLICA BOLIVARIANA DE VENEZUELA	297
PRODUCCIÓN DE LECHE EN LLAMAS CRIADAS CON Y SIN CORRAL DE PERNOCTE	303
<b>ETNOZOOTECNIA Y CONOCIMIENTO POPULAR TRADICIONAL GANADERO</b>	<b>307</b>
CARACTERÍSTICAS MACROSCÓPICAS Y MICROSCÓPICAS DE LA MECHA Y LA FIBRA DE LANA EN LA OVEJA AUTÓCTONA FORMOSA DE ARGENTINA	309
AVES DE COMBATE EN EL TRASPATIO	313
CARACTERIZAÇÃO DO REBANHO DE CABRAS SEMISSELVAGENS DAS MONTANIAS DO SUL DO ESPIRITO SANTO, BRASIL	319

ACOMPANHAMENTO E ORIENTAÇÃO TÉCNICA DE CRIADORES DE OVINOS DA REGIÃO NORTE DO ESTADO DE RIO DE JANEIRO-BRAZIL 323

UNA HISTORIA DE VIDA EN EL TRASPATIO Y SUS GALLINAS 327

**ECONOMÍA Y GESTIÓN GANADERAS 331**

LIMITANTES SOCIOECONÓMICAS DE LOS SISTEMAS DE PRODUCCIÓN CAPRINA EN EL SUR DEL ESTADO DE MÉXICO 333

**PROGRAMAS Y ESTRATEGIAS DE SELECCIÓN EN RAZAS DOMÉSTICAS 337**

PRIMEROS RESULTADOS DE LA EVALUACIÓN GENÉTICA PARA CARACTERES MORFOLÓGICOS LINEALES EN LA RAZA MURCIANO-GRANADINA 339

EFEECTO DE LA ESTRATEGIA DE CRIA SOBRE EL PESO AL DESTETE DE LOS BECERROS Y LA PRODUCTIVIDAD DE VACAS DOBLE PROPÓSITO 343

EFEECTO DE CARACTERES DE TIPO EN LA VIDA PRODUCTIVA DE VACAS NORMANDO COLOMBIANO 347

EVALUACIÓN GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS DE CRECIMIENTO DEL OVINO PELIBUEY EN TABASCO, MÉXICO 355

**A**CTAS  
**I**BEROAMERICANAS DE  
**C**ONSERVACIÓN  
**A**NIMAL

---

*Artículos invitados*

## DIVERSIDAD Y RELACIONES GENÉTICAS ENTRE POBLACIONES ASNALES IBEROAMERICANAS

### DIVERSITY AND GENETIC RELATIONSHIPS AMONG IBEROAMERICAN DONKEY POPULATIONS

Jordana J.<sup>1\*</sup>, Ferrando A.<sup>1</sup>, Casas M.<sup>1</sup>, Loarca A.<sup>2</sup>, Martínez López O.R.<sup>3</sup>, Canelón J.L.<sup>4</sup>, Stemmer A.<sup>5</sup>, Aguirre L.<sup>6</sup>, Lara M.A.C.<sup>7</sup>, Álvarez L.A.<sup>8</sup>, Llambí S.<sup>9</sup>, Gómez N.<sup>10</sup>, Gama L.T.<sup>11</sup>, Martínez R.D.<sup>12</sup>, Pérez E.<sup>13</sup>, Guastella A.M.<sup>14</sup>, Marletta D.<sup>14</sup>, Landi V.<sup>15</sup>, Martínez A.<sup>15</sup>, Delgado, J.V.<sup>15</sup>

<sup>1</sup>Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra, Barcelona, Spain  
Jordi.Jordana@uab.cat.

<sup>2</sup>Ministerio de Agricultura, Ganadería y Alimentación. Quetzaltenango, Guatemala.

<sup>3</sup>Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológica. Dirección General de Investigación Científica y Tecnológica. Universidad Nacional de Asunción. Paraguay.

<sup>4</sup>Departamento de Producción e Industria Animal. Decanato de Ciencias Veterinarias. Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado Barquisimeto. Venezuela.

<sup>5</sup>Facultad de Ciencias Agrícolas, Pecuarias, Forestales y Veterinaria. Universidad Mayor de San Simón. Cochabamba, Bolivia.

<sup>6</sup>Centro Biotecnología Reproductiva Animal. Universidad Nacional de Loja. Ecuador.

<sup>7</sup>Instituto de Zootecnia. 13.460-000 Nova Odessa-SP, Brasil.

<sup>8</sup>Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira, Cra. 32 No 12-00, Palmira, Valle del Cauca, Colombia.

<sup>9</sup>Instituto de Producción Animal, Área Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de la República (UdelaR). CP11600 Montevideo, Uruguay.

<sup>10</sup>Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac. Abancay, Perú.

<sup>11</sup>Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Técnica de Lisboa. Avenida da Universidade Técnica, 1300-477 Lisboa, Portugal.

<sup>12</sup>Genética Animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Ruta 4 - Km. 2. 1836-Llavallol, Argentina.

<sup>13</sup>Departamento de Salud y Explotación Animal. Universidad de Granma. 85100-Bayamo, Cuba.

<sup>14</sup>DISPA, Sezione di Scienze delle Produzioni Animali, Università degli studi di Catania, Via Valdisavoia 5, 95123-Catania, Italy.

<sup>15</sup>Departamento de Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba. 14071, Córdoba, Spain.

#### Keywords:

Biodiversity  
Microsatellites  
Population  
substructure

#### Palabras clave:

Biodiversidad  
Microsatélites  
Subestructura  
poblacional

#### Abstract

This study shows the results of the genetic characterization of 21 donkey populations of 14 countries from Europe (3) and Central and South America (11) associated to the CONBIAND network, in the framework of a collaborative project promoted by the network itself. Since sampled donkeys were not structured among breeds, donkeys from each American country were defined as discrete populations. These populations were analyzed with 14 microsatellite markers, and then compared with European breeds from Spain (6), Italy (3) and Portugal (1), in order to explore genetic relationships among them, and investigate the origins of current American populations. Results show that most of American populations do not group together with European ones, but tend to cluster separately instead. Concerning only the American meta-population, two major genetic groups are detected: the first one encompasses Caribbean countries, and second one includes countries from the Andes area and from the South. These results suggest that geographical isolation and a quite inexistent gene flow between continents together with a marked genetic drift would have contributed to the current genetic differentiation among populations, shaping distinct groups clearly differentiated among each other.

#### Resumen

En el presente trabajo se muestran los resultados de la caracterización genética para un total de 21 poblaciones asnales correspondientes a 14 países de Europa (3) e Iberoamérica (11) asociados a la Red CONBIAND, dentro de un proyecto de colaboración promovido por la misma Red. Al no estar estructuradas por razas, las poblaciones americanas se han definido como poblaciones únicas de país. Estas poblaciones fueron analizadas

con un panel de 14 marcadores de ADN de tipo microsatélite, y posteriormente comparadas con razas asnales europeas originarias de España (6), Italia (3) y Portugal (1), con el fin de establecer las relaciones genéticas existentes entre ellas y poder clarificar el proceso de formación de las distintas poblaciones. Los resultados muestran que la gran mayoría de las poblaciones americanas analizadas no se agrupan claramente con las razas europeas, sino que tienden a diferenciarse genéticamente de éstas. Por otro lado, dentro de la propia metapoblación americana, se distinguen principalmente dos grandes grupos: uno que englobaría países de influencia más caribeña, y otro que agruparía poblaciones del sur y de la zona andina de Sudamérica. Los resultados sugieren que el aislamiento geográfico y el casi nulo intercambio de reproductores entre continentes, conjuntamente con los efectos manifiestos de la deriva genética, habrían promovido la diferenciación existente entre las poblaciones, creando asimismo grupos singulares y claramente diferenciados entre sí.

### Introducción

El estudio se enmarca en un proyecto de colaboración conjunta, auspiciado por la Red CONBIAND, con el objetivo de caracterizar genéticamente las poblaciones asnales de diferentes países Iberoamericanos asociados a la Red, y comparar sus niveles de diversidad genética con distintas razas europeas del área mediterránea. Las poblaciones europeas están perfectamente tipificadas en el rango taxonómico de raza; no así las americanas, por lo que éstas se han definido únicamente como país. El conocimiento primario de la variabilidad asnal intra-país podrá ser de gran utilidad, en un futuro cercano, para iniciar las correspondientes etapas de su particular caracterización genética, con la finalidad última de poder establecer poblaciones diferenciadas genéticamente (complementado de forma necesaria e imprescindible con los correspondientes estudios morfológicos), que puedan llegar a ser catalogadas en el estatus de razas domésticas diferenciadas. Esta futura caracterización y definición de población, ayudará a gestionar, de forma más óptima y eficiente, los correspondientes planes de conservación de los recursos zoogenéticos asnales. El presente trabajo pretende, asimismo, establecer las relaciones genéticas actuales existentes entre las razas estudiadas del Viejo y Nuevo Mundo, con el fin de establecer los posibles flujos migratorios e intentar clarificar el proceso de formación de las distintas poblaciones.

### Material y métodos

En total han sido analizados 316 asnos americanos de 11 poblaciones distintas, definidas según el país de origen (Tabla 1).

**Tabla 1.** Parámetros de variabilidad genética en las poblaciones asnales americanas: N, número de individuos;  $H_o$ , heterocigosis observada;  $H_e$ , heterocigosis esperada no sesgada; NMA, número medio de alelos por locus; RA, riqueza alélica ajustada a un mismo número de individuos; proporción membresía al cluster 1 y 2 para un valor inferido de  $K = 2$ . (*Genetic variability parameters of American donkey populations: N, number of individuals;  $H_o$ , observed heterozygosity;  $H_e$ , expected non-biased heterozygosity; NMA, mean number of alleles per locus; RA: rarefacted allelic richness; genome distribution to cluster 1 and 2 for  $K = 2$  inferred clusters*)

País	N	$H_o$	$H_e$	$F_{IS}$	NMA	RA <sup>1</sup>	Cluster 1	Cluster 2
Guatemala	15	0.532±0.227	0.573±0.207	0.074*	4.6	4.5	0.29	0.71
Brasil	25	0.601±0.217	0.592±0.190	-0.017	5.1	4.3	0.47	0.57
Cuba	70	0.563±0.236	0.566±0.237	0.004	5.7	4.4	0.06	0.94
Venezuela	27	0.466±0.270	0.505±0.273	0.079*	4.0	3.5	0.05	0.95
Colombia	30	0.524±0.214	0.563±0.237	0.071*	5.0	4.3	0.34	0.66
Ecuador	21	0.507±0.280	0.511±0.260	0.009	3.9	3.6	0.92	0.08
Perú	20	0.482±0.247	0.539±0.263	0.109**	4.2	3.9	0.89	0.11
Bolivia	30	0.509±0.230	0.549±0.240	0.074*	4.1	3.8	0.86	0.15
Paraguay	29	0.467±0.270	0.497±0.261	0.061*	3.9	3.5	0.87	0.13
Argentina	25	0.493±0.220	0.523±0.239	0.059*	4.9	4.1	0.85	0.15
Uruguay	24	0.365±0.234	0.452±0.277	0.196***	3.6	3.3	0.95	0.05
Total	316	0.509±0.221	0.567±0.245	0.103***	7.0	4.5		

<sup>1</sup>calculada para  $N = 12$  individuos. \*,  $P < 0.05$ ; \*\*,  $P < 0.01$ ; \*\*\*,  $P < 0.001$ .



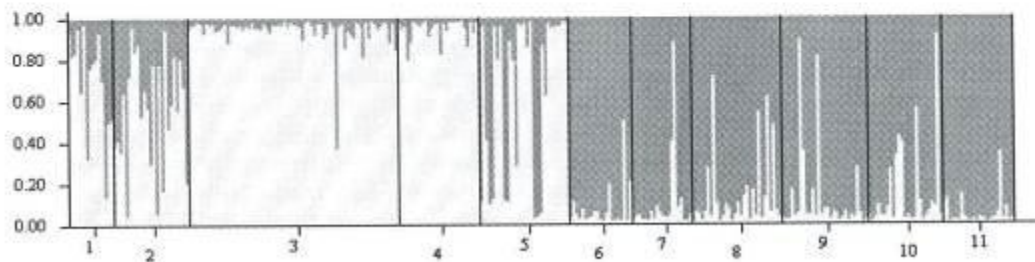
El ADN de estos animales ha sido obtenido a partir de bulbos de pelo, utilizando el kit DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen Iberia SL). Estos perfiles han sido comparados con los de 455 asnos europeos de las 11 razas siguientes: Andaluza (N = 50), Balear (N = 50), Catalana (N = 50), Asno de las Encartaciones (N = 50), Majorera (N = 50) y Zamorano-Leonesa (N = 50), originarios de España; Pantesco (N = 39), Ragusano (N = 53) y Grigio Siciliano (N = 16), de la isla italiana de Sicilia; y Mirandesa (N = 40), de Portugal. Los asnos americanos fueron genotipados con 14 marcadores microsatélite: AHT4, AHT5, ASB23, HMS2, HMS3, HMS5, HMS6, HMS7, HTG4, HTG6, HTG7, HTG10, HTG15 y VHL20. Los productos amplificados por PCR fueron separados mediante electroforesis capilar en un aparato ABI PRISM 3730 (Life Technologies). Los alelos fueron analizados y tipificados con el programa GeneMapper® v.3.7 (Life Technologies). Los parámetros de diversidad genética fueron calculados con el programa Genetix v.4.05.2 (Belkhir et al., 1996-2004) y los F-estadísticos con FSTAT v.2.9.3 (Goudet, 1995, 2001), usando los estimadores  $F$ ,  $f$  y  $\theta$  de Weir y Cockerham (1984) análogos a  $F_{IT}$ ,  $F_{IS}$  y  $F_{ST}$  de Wright (1969). El error estándar y los intervalos de confianza fueron obtenidos mediante permutaciones de tipo *jackknife* y *bootstrap* entre *loci*, respectivamente. También se calculó la matriz de distancias de Reynolds et al. (1983) entre poblaciones americanas con el programa POPULATIONS v.1.2.28 (Langella, 2002). Se exploró la estructura de las poblaciones americanas con el método del análisis de *cluster*, basado en modelos implementados en el programa STRUCTURE v.2.3.1 (Pritchard et al., 2000). Este programa calcula un valor de probabilidad para un número de K poblaciones (o *cluster*) pre-determinado, y asigna la parte del genoma de cada individuo que deriva de cada *cluster*. La estructuración poblacional fue probada desde K = 1 hasta K = 6, con cinco réplicas independientes, consistentes en 100.000 pasos *Markov Chain Monte Carlo* tras un descarte de los primeros 200.000. Se asumió que las frecuencias alélicas de las poblaciones actuales estaban correlacionadas y que podían haberse originado a partir de más de una población ancestral. El valor más probable de K fue determinado según el método de Evanno et al. (2005) implementado en el programa STRUCTURE HARVESTER (Earl & vonHoldt, 2012). El parámetro Q define qué proporción del genoma de un individuo pertenece a los distintos *cluster* (K) pre-definidos. Se aceptó la membresía de una población a un *cluster* para valores medios de  $Q > 0.80$ . Se construyó un árbol no enraizado a partir de la matriz de distancias genéticas  $D_A$  de Nei et al. (1983) con el algoritmo *neighbor-joining*, con todas las poblaciones americanas y europeas. La solidez de las ramas fue testada mediante 5000 remuestros de tipo *bootstrap* entre *loci*. Para ello, se utilizó el programa POPULATIONS. En este análisis se descartó el locus HTG7, con el objetivo de utilizar un panel común de marcadores para todas las poblaciones, así como el locus HMS2 porque presentaba una fuerte desviación del equilibrio Hardy-Weinberg (HWE) en las razas sicilianas (Bordonaro et al., 2012).

## Resultados y discusión

### Poblaciones americanas

Se observaron un total de 98 alelos para los 14 marcadores en el conjunto de las 11 poblaciones, con una media de 7 alelos por locus. Se detectó un significativo déficit de heterocigotos al que contribuyeron casi todos los *loci*:  $F_{IT} = 0.108 \pm 0.007$  (intervalo de confianza al 99% entre 0.090-0.123). Ese déficit fue debido, en parte, a una sub-estructuración poblacional en la meta-población americana,  $F_{ST} = 0.058 \pm 0.006$  (0.045-0.073); y por otra parte a un déficit intra-poblacional,  $F_{IS} = 0.053 \pm 0.008$  (0.035-0.073). El análisis bayesiano de estructuración muestra que las poblaciones americanas analizadas se dividen preferentemente en dos grandes grupos genéticos o *cluster* (K = 2). Los valores de membresía, a uno de los dos *cluster*, son superiores a 0.85 en ocho de las once poblaciones (Tabla 1). El primer *cluster* englobaría países andinos y del sur del continente, mientras que el segundo englobaría países caribeños (Figura 1). Tres poblaciones tienen una distribución mixta: Brasil, Guatemala y Colombia. En el caso de Colombia, esta división se debe a que actúa como un punto de conexión entre los dos grupos, pues limita con poblaciones de ambos *cluster*. Se observa, asimismo, que los animales de esta población se agrupan preferentemente en uno u otro *cluster*, con valores individuales de Q en su mayoría superiores a 0.80. En cambio, en el caso de Brasil y Guatemala, los individuos presentan una asignación mixta en ambos *cluster*, con valores de membresía, a uno u otro grupo, muy variables (Figura 1). Unos pocos individuos de países del *cluster* 1 se agrupan con el *cluster* 2 (Figura 1). Esto puede deberse al flujo de migrantes del *cluster* 2 y/o a la retención de polimorfismos más ancestrales, pero también a la limitada potencia del panel de marcadores empleado. Globalmente, se halla una mayor diversidad y riqueza alélica en los países de membresía mixta, así como en Cuba. Esto podría deberse a que Cuba fue uno de los países por el que fueron introducidos los animales desde Europa o África, por lo que habría podido retener un acervo genético más diverso. La elevada variabilidad de Brasil y Guatemala podría derivarse de su localización geográfica entre

zonas de conexión de poblaciones, de flujos migratorios, o de su cercanía a las áreas de entrada de animales procedentes del Viejo Mundo. Se detectó una desviación significativa del HWE en varias poblaciones, especialmente en Uruguay (Tabla I). Varios *loci* contribuyeron al déficit, revelando la existencia de una posible mayor consanguinidad o de una subestructuración intra-poblacional. La menor diversidad genética, sumada a la menor riqueza alélica, sugieren que la población ha debido experimentar un mayor efecto de la deriva genética, debido a un mayor aislamiento reproductivo respecto a otras poblaciones del mismo *cluster*. De forma general, se observa que las poblaciones con menor diversidad fueron también las que presentaron una mayor distancia genética. El efecto del aislamiento por distancia fue perceptible en el *cluster* 1. Las poblaciones geográficamente más distantes entre sí, Ecuador y Uruguay, presentaron también la mayor diferenciación ( $F_{ST} = 0.0862$ ,  $P < 0.001$ ) y distancia genética ( $D_{Reynolds} = 0.0925$ ) dentro de este grupo (Figura 2). En cambio, Perú, apenas presentó diferencias con respecto a Bolivia, Paraguay o Argentina (valores  $F_{ST}$  no significativos,  $D_{Reynolds} < 0.015$ ) (ver Tabla II).



**Figura 1.** Distribución del genoma de cada individuo en los dos *cluster* inferidos ( $K = 2$ ). Cada animal está representado por una barra vertical. La longitud del color de las barras en el eje vertical define la proporción de membresía ( $Q$ ) al *cluster* 1 (gris oscuro) o *cluster* 2 (gris claro). Las poblaciones son las siguientes: Guatemala (1), Brasil (2), Cuba (3), Venezuela (4), Colombia (5), Ecuador (6), Perú (7), Bolivia (8), Paraguay (9), Argentina (10) y Uruguay (11) (*Genome distribution of individuals to each inferred cluster [ $K = 2$ ]. Each individual is represented by a vertical single line. The length of colored lines, vertical axis, is proportional to  $Q$  values to inferred clusters 1 [dark grey] and 2 [light grey]. Populations represented in the plot are: Guatemala [1], Brazil [2], Cuba [3], Venezuela [4], Colombia [5], Ecuador [6], Peru [7], Bolivia [8], Paraguay [9], Argentina [10] and Uruguay [11].*)

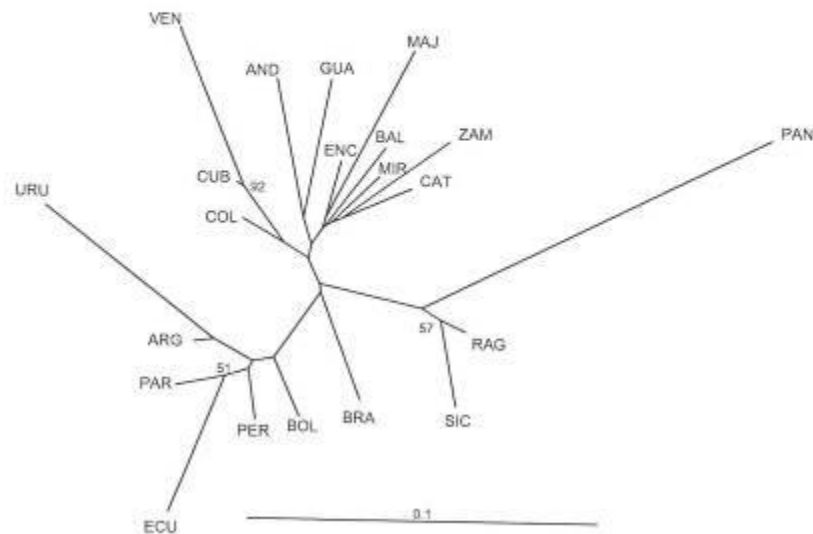
#### *Relaciones genéticas entre poblaciones de ambas continentes*

En el árbol de relaciones genéticas (Figura 2), se observa que las razas europeas muestran una escasa estructuración entre ellas, con valores de robustez en la mayoría de las ramas por debajo del 50%. Sin embargo, se aprecia cierta diferenciación entre las razas italianas y las de la Península Ibérica e Islas Canarias. Por otro lado, no se aprecia distintivamente qué poblaciones europeas contribuyeron al actual acervo genético americano. Sólo la población de Guatemala tiende a agruparse con una raza europea, la Andaluza, tal vez por una fuerte influencia de esta raza en su origen, por una mayor retención del acervo genético ancestral unido a una menor deriva genética o por una posterior influencia de esta raza en la población asnal guatemalteca. Las poblaciones de asignación mixta presentan, en general, una menor distancia genética con las poblaciones de la Península Ibérica. Esto sería coherente con una mayor influencia ibérica en su actual acervo genético. Es posible que las poblaciones del *cluster* 1 americano hayan experimentado un mayor efecto del aislamiento por distancia desde el punto de entrada de los animales en el continente siglos atrás. Todo ello, unido a una fuerte deriva genética, se habría traducido en una menor diversidad genética, pero, también, en la formación de una huella genética propia. No obstante, tampoco se puede descartar la posible influencia histórica de los acervos genéticos de animales originarios de otras poblaciones, no analizadas en este estudio.

#### **Conclusiones**

Los resultados sugieren que el limitado flujo genético de animales entre Europa y América ha permitido una progresiva diferenciación de las poblaciones asnales americanas con respecto a las europeas, desde su llegada al

continente. Por otro lado, se ha observado una separación distintiva en dos *cluster* principales de las poblaciones del Centro y Sur del continente americano, separados, *grosso modo*, por la línea ecuatorialiana. No obstante, un panel más amplio de marcadores permitiría definir, con más precisión, como se inter-relacionan las distintas poblaciones de la meta-población americana.



**Figura 2.** Árbol no enraizado obtenido con la distancia  $D_A$  de Nei *et al.* (1983) mediante el algoritmo *neighbor-joining* y 5000 *bootstraps* entre los *loci*. Se han empleado datos de 12 marcadores (excluyendo HTG7 y HMS2). Se indican los valores de *bootstrap* superiores al 50%. En la parte inferior, se indica la escala. Los nombres de las razas o poblaciones están representados mediante las tres primeras letras (*Unrooted tree obtained with the  $D_A$  distance of Nei et al. (1983) with the neighbor-joining algorithm, and 5000 bootstrap over loci. Data from 12 markers were used [HTG7 and HMS2 were excluded]. Bootstrap values over 50% are indicated. The genetic distance scale is indicated below the tree. Names of population and breeds are represented by the first three letters*).

### Bibliografía

- Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N. & Bonhomme F. 1996-2004. *GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations*. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5171, Université de Montpellier II, Montpellier (France).
- Bordonaro S., Guastella A.M., Criscione A., Zuccaro A. & Marletta D. 2012. Genetic diversity and variability in endangered Pantesco and two other Sicilian donkey breeds assessed by microsatellite markers. *The Scientific World Journal*, doi:10.1100/2012/648427.
- Earl D.A. & vonHoldt B.M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources* 4, 359–361.
- Evanno G., Regnaut S. & Goudet J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology* 14, 2611–2620.
- Goudet J. 2001. *FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3)*. Available from <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>. Updated from Goudet (1995).
- Goudet J. 1995. FSTAT (vers. 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity* 86, 485–486.
- Langella O. 2002. *Population 1.2.28. Logiciel de génétique des populations*. Laboratoire Populations, génétique

- et évolution, CNRS UPR 9034, Gif-sur-Yvette, <http://www.cnrs-gif.fr/pge/>.
- Nei M., Tajima R. & Tateno Y. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution* 19, 153–170.
- Pritchard J.K., Stephens M. & Donnelly P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945–959.
- Reynolds J., Weir B.S. & Cockerham C.C. 1983. Estimation of the coancestry coefficient: Basis for a short-term genetic distance. *Genetics* 105, 767–779.
- Weir B.S. & Cockerham C.C. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38, 1358–1370.
- Wright S. 1969. *Evolution and the genetics of populations*. Vol. 2. The theory of gene frequencies. University of Chicago Press.

**Tabla II.** La diagonal superior contiene la matriz de valores  $F_{ST}$  entre las poblaciones americanas. El valor de significación fue obtenido con 55000 permutaciones y ajustando el valor nominal de P con la corrección de Bonferroni para múltiples tests independientes. En la matriz inferior, se presentan los valores de distancia ponderada de Reynolds *et al.* (1983), entre poblaciones (Above the diagonal, the  $F_{ST}$  matrix between American populations is shown. Significance values were obtained by means of 55000 permutations and adjusting the P nominal value with Bonferroni correction for multiple independent tests. Below the diagonal, the weighted distance matrix of Reynolds *et al.* (1983) is presented).

	(1)	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)	(10)	(11)
Guatemala (1)	-	0,044***	0,039***	0,078***	0,064***	0,091***	0,044***	0,048***	0,076***	0,077***	0,115***
Brasil (2)	0,046	-	0,051***	0,083***	0,039***	0,073***	0,025***	0,041***	0,051***	0,057***	0,081***
Cuba (3)	0,041	0,053	-	0,032***	0,033***	0,095***	0,046***	0,061***	0,056***	0,073***	0,103***
Venezuela (4)	0,083	0,087	0,033	-	0,050***	0,118***	0,070***	0,071***	0,082***	0,089***	0,127***
Colombia (5)	0,068	0,041	0,034	0,053	-	0,104***	0,031***	0,038***	0,058***	0,049***	0,094***
Ecuador (6)	0,098	0,075	0,100	0,127	0,111	-	0,033***	0,050***	0,046***	0,054***	0,086***
Perú (7)	0,048	0,026	0,048	0,075	0,033	0,035	-	0,001 n.s.	0,008 n.s.	0,012 n.s.	0,039***
Bolivia (8)	0,051	0,042	0,063	0,075	0,040	0,053	0,003	-	0,032***	0,019**	0,059***
Paraguay (9)	0,081	0,053	0,058	0,087	0,061	0,048	0,010	0,034	-	0,029***	0,039***
Argentina (10)	0,082	0,059	0,076	0,094	0,051	0,056	0,014	0,020	0,031	-	0,030**
Uruguay (11)	0,127	0,086	0,110	0,138	0,101	0,092	0,044	0,064	0,042	0,033	-

\*,  $P < 0,05$ ; \*\*,  $P < 0,01$ ; \*\*\*,  $P < 0,001$ ; n.s., diferencias no significativas.