



**UNIVERSIDAD TÉCNICA DE BABAHOYO**  
**FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS**  
**CARRERA DE MEDICINA VETERINARIA Y**  
**ZOOTECNIA**



**TRABAJO DE TITULACIÓN**

Componente práctico de carácter Complexivo, presentado al H.  
Consejo Directivo de la Facultad, como requisito previo a la  
obtención del título de:

**MEDICA VETERINARIA ZOOTECNISTA**

**TEMA:**

“Marcadores moleculares en mejoramiento genético de bovinos, en  
la raza Holstein”

**AUTOR:**

Armijo Salvatierra Yerika Jamileth

**TUTOR:**

Dr. John Javier Arellano Gómez, MsC.

Babahoyo – Los Ríos – Ecuador

2022

## RESUMEN

La Raza de ganado Holstein se originó en dos provincias septentrionales de Holanda: Frisia Occidental y País Bajo del Norte (North Holland). Poco se sabe de su más remoto origen, pero no hay duda de que fue Holanda el núcleo del cual se diseminó esta raza que, sin objeciones, es la más formidable lechera de la historia. La genómica, la genética molecular y la biotecnología han realizado importantes avances a nivel internacional en las ganaderías bovinas, Han generado nuevos parámetros para su mejoramiento genético, por medio de la identificación de genes que tienen efectos importantes en la respuesta productiva. La raza Holstein es la que más contribuye a la producción láctea en Ecuador. Sin embargo, no existen datos de parámetros genéticos que describan las características de los hatos lecheros del país. Por ello, el objetivo de este trabajo fue analizar la información de marcadores molecular en mejoramiento genético de bovinos en la raza Holstein, Ecuador. Para ello se analizaron los marcadores microsatélites CSRM60, INRA083, CSSM66, ETH3, HEL9, TGLA53, BM1818, LSTS006, BM2113, ETH225, TGLA122, ETH10, TGLA227, INRA032 y SPS115 en bovinos, de acuerdo a lo sugerido por la FAO para la caracterización genética de poblaciones de animales domésticos. Se encontró en promedio  $8,4 \pm 1,88$  alelos y una frecuencia de  $0,08 \pm 0,056$  de alelos nulos. Los valores de heterocigosidad observada y esperada alcanzaron  $0,68 \pm 0,13$  y  $0,82 \pm 0,07$ , respectivamente.

**Palabras claves:** Marcadores Moleculares, Genoma, Genómica, Micro Satélite

## SUMMARY

La Raza de ganado Holstein se originó en dos provincias septentrionales de Holanda: Frisia Occidental y País Bajo del Norte (Holanda Septentrional). Poco se sabe de su más remoto origen, pero no hay duda de que fue Holanda el núcleo del cual se diseminó esta raza que, sin objeciones, es la más formidable lechera de la historia. La genómica, la genética molecular y la biotecnología han realizado importantes avances a nivel internacional en las ganaderías bovinas, Han generado nuevos parámetros para su mejoramiento genético, por medio de la identificación de genes que tienen efectos importantes en la respuesta productiva. La raza Holstein es la que más contribuye a la producción láctea en Ecuador. Sin embargo, no existen datos de parámetros genéticos que describan las características de los hatos lecheros del país. Por ello, el objetivo de este trabajo fue analizar la información de marcadores molecular en mejoramiento genético de bovinos en la raza Holstein, Ecuador. Para ello se analizaron los marcadores microsatélites CSRM60, INRA083, CSSM66, ETH3, HEL9, TGLA53, BM1818, LSTS006, BM2113, ETH225, TGLA122, ETH10, TGLA227, INRA032 y SPS115 en bovinos, de acuerdo a lo sugerido por la FAO para la caracterización genética de poblaciones de animales domésticos. Se encontró en promedio  $8,4 \pm 1,88$  alelos y una frecuencia de  $0,08 \pm 0,056$  de alelos nulos. Los valores de heterocigosidad observada y esperada alcanzaron  $0,68 \pm 0,13$  y  $0,82 \pm 0,07$ , respectivamente.

**Keywords:** Molecular markers, genome, genomics, microsatellite

## INDICE

RESUMEN.....	ii
SUMMARY .....	iii
INTRODUCCION.....	1
CAPÍTULO I.....	3
1.1. Definición del tema de caso de estudio .....	3
1.2. Planteamiento del problema .....	3
1.3. Justificación .....	3
1.4. Objetivo: .....	4
1.4.1. Objetivo General .....	4
1.4.2. Objetivos Específicos.....	4
1.5. Fundamentación teórica .....	5
1.5.1. Descripción .....	5
1.5.2. Raza bovina Holstein .....	5
1.5.3. La biología molecular .....	7
1.5.4. Genoma.....	8
1.5.5. Mapa Genómico .....	8
1.5.6. Usos de la información genómica.....	9
1.5.7. Importantes implicaciones.....	9
1.5.8. Genética molecular asociada a la producción láctea.....	10
1.5.11 Marcadores moleculares.....	11
1.5.9. Ventajas de los marcadores RFLP's .....	11
1.5.10. Limitaciones de los marcadores RFLP's.....	11
1.5.11. Marcadores genéticos ideales.....	12
1.5.12. Las características de un marcador genético ideal .....	12
1.5.13. Objetivos para el uso de los Marcadores Moleculares.....	12
1.5.14. Los marcadores moleculares y los marcadores genéticos .....	13
1.5.15. Los marcadores de ADN pueden ser clasificados en dos grandes categorías	13
1.5.16. Marcadores moleculares.....	13
1.5.17. Marcadores moleculares como herramienta de selección en el mejoramiento animal .....	14
1.5.18. MICROSATELITES .....	14

<b>1.6.</b>	<b>Hipótesis</b> .....	15
<b>1.7.</b>	<b>Metodología de la investigación</b> .....	15
<b>CAPÍTULO II</b> .....		16
<b>2.2.</b>	<b>Desarrollo del caso</b> .....	16
<b>2.3.</b>	<b>Situaciones detectadas (hallazgo)</b> .....	16
<b>2.3.</b>	<b>Soluciones planteadas</b> .....	17
<b>2.4.</b>	<b>Conclusiones</b> .....	18
<b>2.5.</b>	<b>Recomendaciones</b> .....	19

## INTRODUCCION

La raza Holstein se ha extendido en todo el mundo debido a su enorme potencial lechero, al marketing, la venta de semen, embriones y animales; sin embargo, los genomas que se encuentran en cada región pueden provenir de un número limitado de toros (sementales); por lo que es de vital importancia controlar y mantener la variabilidad genética en los hatos (Ocampo y Cardona, 2013).

Situación que no difiere en Ecuador, ni en el Azuay, una de las 4 provincias con mayor producción láctea del país; en donde la raza Holstein registrada y sin registro representa un alto porcentaje de la ganadería lechera, solamente en el cantón Cuenca se estima una presencia del 89% de las razas existentes (Alvarado et al., 2016).

Referencias de estudios genéticos en diferentes países indican el empleo de marcadores microsatélites para la caracterización de la raza Holstein, sin embargo, en Ecuador se desconocen datos actuales sobre la variabilidad génica de esta raza. (Hanslik et al., 2000);

Se ha reportado que presenta problemas de consanguinidad y deficiencias reproductivas graves; por lo que, es necesario conocer las características de la estructura genética mediante un monitoreo sistemático del flujo de genes de la población Holstein presente en las zonas de mayor producción lechera del Ecuador. (Řehout et al., 2006; Ozkan et al., 2009; Rincón et al., 2013);

La población Holstein presente en las zonas de mayor producción lechera del Ecuador. Los marcadores moleculares funcionan como un lector de código de barras, es decir, permiten comprobar que esa secuencia de barras más gruesas o más finas designa, identifican y pertenecen a un determinado animal. En otras palabras, los marcadores moleculares son segmentos de ADN cuya herencia se puede rastrear y sirven como indicador de las diferencias genéticas, o marcador molecular. (Mariano Fernández Alt. 2005. Rev. Angus, Bs.As., 229:20-26.)

Existe un conjunto de marcadores ya disponibles para detectar producción láctea del ADN nuclear. En los estudios de diversidad genética, los marcadores más utilizados son los microsatélites. (Sunnucks, 2001).

Diferentes técnicas de biología molecular han permitido el conocimiento detallado de los genomas. El desarrollo y aplicación de técnicas de mapeo físico, genético y comparativo, permiten la posibilidad de asignación física específica de los genes dentro de un cromosoma, establecen la sintenia entre marcadores y obtienen de manera conjunta, información tanto de genes como de marcadores. (Genome Biol 2007; 8:165).

Por lo anterior, este trabajo se orienta a los marcadores moleculares en mejoramiento genético en bovinos de raza Holstein usando los marcadores microsatélites, a fin de estimar parámetros de variabilidad genética en bovinos registrados de la raza Holstein en hatos localizados en el cantón Cuenca, provincia del Azuay, Ecuador. (Heins et al., 2006; Lucy, 2007; Galarza et al., 2017)

# **CAPÍTULO I**

## **MARCO METODOLÓGICO**

### **1.1. Definición del tema de caso de estudio**

El presente documento tuvo como finalidad fortalecer conocimientos sobre el uso. Marcadores moleculares en mejoramiento genético de bovinos, en la raza Holstein

### **1.2. Planteamiento del problema**

Esta actividad debe realizarse con el mayor detenimiento, pues de ella depende la toma de decisiones dentro de la unidad de producción. En el ámbito del mejoramiento genético, existen fenómenos como la interacción genotipo por ambiente, factor determinante en el fracaso o éxito de cualquier programa o esquema de mejoramiento genético en bovinos Holstein (Martínez et al., 1986; McDowell et al., 1996).

De tal manera nos hemos obligados a realizar un estudio acerca de los marcadores moleculares en mejoramiento genético de bovinos en raza Holstein

### **1.3. Justificación**

La incorporación de tecnologías de Genética Molecular en la evaluación de animales candidatos a selección, permite obtener algunas ventajas adicionales a la evaluación cuantitativa clásica. Las mayores ventajas se obtienen para características de importancia económica difíciles o tardías de evaluar y de los resultados que se den mediante el uso de marcadores moleculares en mejoramiento genético. En el Ecuador, los trabajos de investigación sobre el ganado son muy escasos y, específicamente, en el ámbito de la caracterización racial resultan casi nulos. Por lo tanto, se hace necesario abordar estudios sobre el uso de los marcadores moleculares en bovinos Holstein con el fin de obtener información sobre el grado de variabilidad genética en la población ganadera de bovino Holstein y su producción, con el fin de utilizar la información generada en el desarrollo lechero que permita el establecimiento de un programa de mejora

genética compatible en la gestión sostenible de los sistemas tradicionales de explotación de la provincia. Rincón, F.A.J., H.A. López, y Z.J. Echeverri. (2013).

#### **1.4. Objetivo:**

En la presente investigación bibliográfica se plantearon los siguientes objetivos

##### **1.4.1. Objetivo General**

Analizar la información de marcadores molecular en mejoramiento genético de bovinos en la raza Holstein.

##### **1.4.2. Objetivos Específicos**

- Comparar la diversidad genética en la raza Holstein presente en la población de Bovinos y sus características fenotípicas.
- Sintetizar el valor de información de marcadores molecular en mejoramiento genética en la población de Bovino en la raza Holstein.

## **1.5. Fundamentación teórica**

### **1.5.1. Descripción**

Gonzales, H y Mogofke, J.C. (2008). Expresan que:

La raza Holstein Friesian es la de mayor importancia en producción de leche, en países de clima templado, considerando su aporte a la productividad mundial y el número de individuos que la componen. Resulta interesante analizar la evolución productiva de esta raza en los Estados Unidos debido a la impresionante respuesta a la selección obtenida en caracteres productivos, así como por la gran presencia que esta estirpe tiene en otros países en los que ha sido ampliamente utilizada.

Duran, J. (2012). Expresa que:

Para la producción de leche la raza preferida es la Holstein Friesian y en el Ecuador es la más utilizada en la zona andina del país, la asociación de ganaderos Holstein se ha concentrado en mejorar y corregir características morfológicas y anatómicas que ellos creen aumenta la eficiencia productiva y reproductiva, por consiguiente, la rentabilidad de sus lecherías.

Rendel y Robertson. (2015) Estimaron que:

En hatos de 2000 vacas donde se llevan a cabo pruebas de progenie, la ganancia genética anual puede ser entre 1.7 a 2.05% en relación al promedio del hato

### **1.5.2. Raza bovina Holstein**

#### **1.5.2.1. Origen de la raza**

La Raza de ganado Holstein se originó en dos provincias septentrionales de Holanda: Frisia Occidental y País Bajo del Norte (North Holland). Poco se sabe de su más remoto origen, pero no hay duda de que fue Holanda el núcleo del cual se diseminó esta raza que, sin objeciones, es la más formidable lechera de la historia.

Se supone que dos tribus: los Batavos y los frisones, llegaron a Holanda procedentes de Alemania Central vía río Rhin mucho antes de la era cristiana.

El ganado que dio origen al Bovino Frisón, el cual se esparció con el tiempo a regiones vecinas: Bélgica, Francia y Alemania hasta la región de Schleswig Holstein, ubicada el sur de Dinamarca y Norte de Alemania, sin embargo, el ganado con más reputación ha sido el de Friesian. (Silva D, Peña ME, Urdaneta F. 2010)

#### **1.5.2.2. Características físicas de la raza Holstein**

La Raza bovina Holstein es la más pesada de las razas lecheras; presenta dos variantes en cuanto a color de pelaje: el berrendo blanco con negro, y el blanco con rojo. La variante dominante es el berrendo en negro, siendo de carácter recesivo la variante en rojo.

Por lo que respecta al tipo, el ganado frisón, en Holanda, muestra más bastedad y menos angulosidad que sus descendientes de América, donde, a través de una exigente selección y programas genéticos, se ha producido el típico animal lechero: anguloso, de cuerpo profundo, sin tendencia a la gordura o bastedad corporal, es por esto que ha superado al ganado frisón de Holanda en rendimiento lechero. Si de alguna forma se define al típico animal lechero, es a través de las siguientes características:

1. Cuerpo anguloso, amplio, descarnado; considerando el período de lactancia.
2. Cuello largo descarnado, bien implantado.
3. Capacidad corporal relativamente grande en proporción al tamaño; barril profundo y medianamente ancho, cinchera grande.
4. Ubre de gran capacidad y buena forma, fuertemente adherida; pezones medianos y colocación en cuadro y a plomo muy bien irrigada. (Aranguren-Méndez, J. 2004)

### **1.5.2.3. Características funcionales del ganado lechero Holstein**

La Raza Holstein, es la más productiva de todas las razas lecheras. El promedio de producción en Holanda es de 7,300 kg y, para los de alto registro, 8,700 kg. En EE.UU. se estima que el promedio nacional a edad adulta es de 11,313 kg por lactación de 305 días, (año 2003) encontrándose fácilmente hatos con promedio en el rango de los 10 a 12,000 kg/ lactación.

La biología es la ciencia dedicada al estudio de la composición, el desarrollo, las relaciones y el funcionamiento de los organismos vivos.

Molecular, por su parte, es aquello vinculado a las moléculas: las unidades mínimas de un elemento que mantienen sus propiedades químicas y que pueden estar compuestas por átomos diferentes o idénticos. Aranguren-Méndez, J. (2004)

### **1.5.3. La biología molecular**

Julián Pérez Porto y Ana Gardey. Publicado: 2016. Actualizado: (2017).  
Expresa que:

Es la rama de la biología que tiene como objetivo el estudio de los procesos que se desarrollan en los seres vivos desde un punto de vista molecular. En su sentido moderno, la biología molecular pretende explicar los fenómenos de la vida a partir de sus propiedades macromoleculares. Dos macromoléculas en particular son su objeto de estudio:

1. Los ácidos nucleicos, entre los cuales el más utilizado es el ácido desoxirribonucleico (ADN), el componente de genes.
2. Las proteínas, que son los agentes activos de los organismos vivos.

Definición de: Definición de biología molecular

## **Que es el ADN**

El ADN (ácido desoxirribonucleico) es el ácido nucleico que porta toda la información genética que pasa de una generación a la siguiente y todas las instrucciones necesarias para la formación de un organismo nuevo y para controlar sus actividades.

De más a menos importantes, estos son los beneficios que los marcadores genéticos pueden producir en las siguientes categorías de características:

- 1) Color de pelaje y defectos genéticos.
- 2) Resistencia a las enfermedades.
- 3) Calidad de la res y atributos de palatabilidad.
- 4) Fertilidad y eficiencia reproductiva.
- 5) Rendimiento carnicero.
- 6) Producción lechera y aptitud materna.
- 7) Desarrollo.

Este ranking fue elaborado considerando:

- 1) La relativa dificultad de obtener datos de performance.
- 2) La magnitud relativa de la heredabilidad y la variación fenotípica observada en las características.
- 3) La actual cantidad de información de performance disponible. (Mariano Fernández Alt. Rev. Angus, Bs.As., (2005)

### **1.5.4. Genoma**

El genoma es el conjunto de genes contenidos en los cromosomas, lo que puede interpretarse como la totalidad del material genético que posee un organismo o una especie en particular. • El genoma de los mamíferos (incluyendo humanos y especies ganaderas) consta de alrededor de 3 mil millones de bases nucleotídicas y entre 20 a 25 mil genes. Hutter B, Helms V, (2006); 88:323-332

### **1.5.5. Mapa Genómico**

Es la representación lineal de los sitios genómicos importantes (genes y marcadores) Durán Aguilar, Marina (2017)

#### **1.5.5.1. Mapear y secuenciar el genoma**

A- Construcción de mapa físico y genético

B- Determinar la secuencia de todos los caracteres con un 99% de fiabilidad

C- Determinar y localizar variaciones del DNA (polimorfismos)

D- Localizar todos los genes

E- Establecer las funciones de los genes y otras partes del genoma Durán Aguilar, Marina (2017)

#### **1.5.6. Usos de la información genómica**

##### **1.5.6.1. Selección Genómica**

La selección genómica consiste en estimar la relación que existe entre un determinado carácter de interés y las distintas regiones del genoma.

Un nuevo paradigma para la evaluación genética: El ADN puede darnos información de mérito genético de un reproductor, algo hasta a hora posible solamente a través de la información fenotípica.

La genómica nos permite saber cuántos genes provienen en un torito de sus abuelos paternos y maternos. Casas E (2006).

##### **1.5.6.2. Aporte fundamental de la selección genómica.**

1- La selección genómica aumenta la precisión de las evaluaciones genéticas de animales jóvenes por ende en la producción lechera-

2- Los modelos genómicos tienen un ajuste un 20% (de media) mejor que los tradicionales.

##### **1.5.7. Importantes implicaciones.**

La genómica ha cambiado los programas tradicionales permitiendo un progreso genético mucho más rápido aplicable al sistema de producción lechera. Aranguren-Méndez, J. (2004.)

#### **1.5.8. Genética molecular asociada a la producción láctea.**

En lo referido a la producción láctea o bien el sector de la industria lechera, debido a que es producto del alto valor nutricional, ha sido foco de atención en la producción animal desde el mismo momento de la domesticación de las especies y si se quiere, se ha constituido el líder de los estudios en la producción animal, ya que ha aprovechado los frutos de las nuevas técnicas biotecnológicas (GM), lo que evidentemente en un futuro próximo contribuirá indudablemente a lograr un aumento de la producción de leche a nivel mundial.

Para finalizar debemos indicar que necesitamos conocer y hacer un uso racional de las metodologías moleculares y simultáneamente realizar una optimización de los criterios de selección para aquellos genes que afectan el o los caracteres de interés en la población estudiada y se logrará obtener el máximo de los beneficios, cuando ambas técnicas (convencional y molecular) sean utilizadas en conjunto. Cobucci, J.A., A. Oliveira, T. Goncalves. (1997).

#### **1.5.10 Descripción molecular del genoma bovino**

Un mapa inicial derivado de clones de BACs del genoma bovino fue construido a partir de fragmentos de restricción de 290.797 clones de animales de tres diferentes razas, que incluyeron Hereford, Holstein y Angus.

Luego fueron incluidos los genotipos y pedigríes de dos mapas genéticos y un set de marcadores obtenidos a partir de mapas de híbridos por radiación, los cuales fueron consolidados en un mapa con 17.254 marcadores en total (. Genome Biol 2007; 8:165.)

El primer borrador de la secuencia del genoma bovino fue generado a partir de un individuo de la raza Herford, mientras que la base de datos para SNPs ha

sido generada a partir de seis razas diferentes: Holstein, Angus, Jersey, Limousin Norwegian. Red y Brahman 2009; 324:522-527.)

### **1.5.11 Marcadores moleculares**

En genética, un marcador molecular (identificado como marcador genético) es un fragmento de ADN que está asociado con una determinada ubicación dentro del genoma. Los marcadores moleculares se usan en biología molecular y biotecnología para identificar una secuencia particular de ADN en un conjunto de ADN desconocido.

### **1.5.9. Ventajas de los marcadores RFLP's**

Cubren todo el genoma del organismo estudiado, aumentando la probabilidad de encontrar asociaciones entre estos marcadores y genes que controlan un carácter de interés. Se estima que una única población segregante es suficiente para analizar un gran número de caracteres a través de marcadores distribuidos por todo el genoma. Poseen expresión codominante, es decir, que en cada locus estudiado es posible identificar genotipos heterocigotos y homocigotos. Pueden ser utilizadas varias enzimas de restricción, las que combinadas con un número casi ilimitado de secuencias clonadas pueden generar una enorme cantidad de marcadores. Otra ventaja es la alta estabilidad del DNA, que puede ser extraído, conservado y reutilizado por largos periodos Ferreira y Grattapaglia, (1998).

### **1.5.10. Limitaciones de los marcadores RFLP's.**

Requieren mucha mano de obra, la falta de disponibilidad de una biblioteca de sondas, después de la obtención de sondas adecuadas (proceso de varios meses) es posible iniciar cualquier tipo de análisis genético con RFLP. Requiere personal técnicamente habilitado para la manipulación del ADN recombinante, instalaciones adecuadas y desecho de materiales radioactivos (Ferreira y Grattapaglia, 1998).

### **1.5.11. Marcadores genéticos ideales**

Los marcadores basados en el ADN cumplen una serie de características que los hacen, en general, más útiles que los marcadores basados en proteínas.  
Garza L. et al, J.M. (2002.)

### **1.5.12. Las características de un marcador genético ideal**

Elevada capacidad de detectar polimorfismo

Hereditarios

Capacidad para acceder

Capacidad para acceder a todas las regiones de genoma

Independencia del estado de desarrollo del individuo

Independencia del estado físico del individuo

Independencia de las condiciones ambientales

Facilidad de obtención

Método de detección económica

Posibilidad de obtención en cualquier célula del organismo que contenga núcleo.

Garza L., J.M. (2002)

### **1.5.13. Objetivos para el uso de los Marcadores Moleculares**

CAPACIDAD DE INDIVIDUALIZAR DNI TRAZABILIDAD

- DETERMINA PARENTESCO
- ORIGEN DE LAS ESPECIES
- ORIGEN RACIAL HOLSTEIN - BRANGUS
- SAM.CONDICIONES GENETICAS INDIVIDUOS PORTADORES
- SELECCIÓN GENOMICA (enriquecen la selección genética tradicional)

#### **1.5.14. Los marcadores moleculares y los marcadores genéticos**

Marcadores moleculares funcionan como señaladores de diferentes regiones del genoma • Los marcadores se usan para el mapeo genético, como el primer paso para encontrar la posición e identidad de un gen • Los marcadores moleculares permiten evidenciar variaciones (polimorfismos) en la secuencia del ADN entre dos individuos, modifiquen estas o no su fenotipo • “señalan” tanto regiones codificantes como no codificantes del genoma.

#### **1.5.15. Los marcadores de ADN pueden ser clasificados en dos grandes categorías**

- ligados
- Directos

Tipos de marcadores genéticos

1. Marcadores morfológicos (forma, color, tamaño o altura)
2. Isoenzimas o marcadores de proteínas
3. Proteínas de reserva (pro laminas globulinas)
4. ADN y marcadores moleculares (grupos sanguíneos)

#### **1.5.16. Marcadores moleculares**

Marcadores del tipo I

Son directos, corresponden a genes que codifican a proteínas y asociados con rasgos productivos que causen variación fenotípica.

Marcadores del tipo II

Llamados micro satélites, se utiliza para el estudio de poblaciones.

Marcadores del tipo III

Son los llamados SNP, utilizados para diagnóstico de rasgos a nivel productivos y de enfermedades genéticas.

#### **1.5.17. Marcadores moleculares como herramienta de selección en el mejoramiento animal**

SAM – Selección asistida por Marcadores (caracteres influenciados por Varios genes)

SAG – Selección asistida por genes (caracteres influenciados por un solo gen)

QTL (locus para características productivas)

SNP (Polimorfismo de nucleótido único)

#### **1.5.18. MICROSATELITES**

(SSR o STR por sus acrónimos en inglés para simple sequence repeat y short tandem repeat) son secuencias de ADN en las que un fragmento (cuyo tamaño va desde dos hasta seis pares de bases) se repite de manera consecutiva.

La variación en el número de repeticiones, y no la secuencia repetida, crea diferentes alelos.

- Generalmente se encuentran en zonas no codificantes del ADN. Son neutros, co-dominantes y poseen una alta tasa de mutación, lo que los hace muy polimórficos.
- Son utilizados como marcadores moleculares en una gran variedad de aplicaciones en el campo de la genética, como pueden ser parentescos y estudios de poblaciones. Esto se debe a su capacidad para generar una huella genética personal o perfil genético. (Garza L., J.M. 2002)

## **1.6. Hipótesis**

Ho= No es muy frecuente el uso de los marcadores moleculares de bovinos de raza Holstein debido a los pocos beneficios que otorgan en el proceso.

Ha= Es frecuente el uso de los marcadores moleculares de bovinos de raza Holstein debido a los beneficios otorgado en el proceso de la producción.

## **1.7. Metodología de la investigación**

En el presente trabajo se utilizó el método Cualitativo y Exploratorio en base de datos de revistas científicas, información obtenida de bibliografías de google académico, artículos científicos de revistas indexadas; textos teniendo en cuenta que es mediante la técnica exploratoria de recolección de información óptima de datos.

## **CAPÍTULO II**

### **RESULTADOS DE LA INVESTIGACIÓN**

#### **2.2. Desarrollo del caso**

El presente documento se elaboró con el propósito de analizar mediante revisiones bibliográficas acerca de los marcadores moleculares en mejoramiento genético en bovinos de raza Holstein, ya que es importante Sintetizar el valor de información molecular en mejoramiento genética en la población de Bovino en la raza Holstein. Y Comparar la diversidad genética en la raza Holstein presente en la población de Bovinos y sus características fenotípicas.

#### **2.3. Situaciones detectadas (hallazgo)**

Parámetros descriptivos de los marcadores microsatélites Los valores de los principales parámetros genéticos para cada uno de los 15 marcadores analizados con sus respectivos promedios se presentan en la Tabla 1. Al comparar lo obtenido en este trabajo con lo reportado por Riojas et al. (2009), quienes evaluaron 8 microsatélites en 39 bovinos Holstein residentes en el nordeste de México, se observó que el número promedio ( $N_a$ ) fue menor en 4 alelos.

Otros investigadores, como Rahimi et al. (2006) en Irán, analizaron 13 marcadores genéticos, y Zhang et al. (2010) en China, 17 marcadores, y ambos autores encontraron un promedio de 9 alelos; mientras que Mejía et al. (2015) encontraron 10 alelos en 11 locus. Puntualmente, los marcadores genéticos incluidos en el presente análisis que mostraron menor número de alelos fueron CSM60, SPS115 y el TGL227; en los que se encontró un mayor número de alelos fueron ETH3, TGLA122 y BM2113, este último resultado coincide con el previamente descrito por Garza (2002), Rahimi et al. (2006). En el caso del mayor número de alelos observados fue el marcador TGLA122 que coincide con lo informado por Mejía et al. (2015)

Se encontró en promedio  $8,4 \pm 1,88$  alelos y una frecuencia de  $0,08 \pm 0,056$  de alelos nulos. Los valores de heterocigosidad observada y esperada alcanzaron  $0,68 \pm 0,13$  y  $0,82 \pm 0,07$ , respectivamente. El contenido de información polimórfica osciló entre 0,70 y 0,88, y el coeficiente de endogamia varió entre -0,38 y 0,45. De los 15 locis analizados, solamente el CSSM66 presentó equilibrio Hardy-Weinberg, y 4 de ellos mostraron un alto nivel de endogamia.

### **2.3. Soluciones planteadas**

Es necesario concientizar a los ganaderos sobre el beneficio de los marcadores moleculares ya que dicha biotecnología aplicada actúa mejor en este proceso y que en esta categoría el animal produce mayor cantidad de nutrientes para la síntesis de grasa y proteína.

En los próximos años, la demanda de productos de origen animal incrementará en la medida que la población humana aumente; esto ocurrirá en un escenario de gran competencia por la tierra, agua, fertilizantes, granos, etc., lo cual acrecentará los costos de la producción ganadera, exacerbados quizás por el cambio climático.

## 2.4. Conclusiones

Por lo anteriormente detallado se concluye:

- El uso de los marcadores moleculares en bovinos raza Holstein permitirá obtener una mejora en el aumento de parámetros productivos y características fenotípicas conllevado a la eficiencia en conversión alimenticia y ganancia del producto lácteo.
- Hasta a hora los registros de producción láctea se expresan en una base común con respecto en días de lactación, equivalente maduro y dos ordeños, a estos registros se los denomina estandarizados a Ajustado. A más de ello es importante considerar la heredabilidad de cualquier característica, no es un valor absoluto debido a los marcadores moleculares o genética molecular.

## **2.5. Recomendaciones**

Por otra parte, en base a los resultados obtenidos, se recomienda incrementar la base muestra al fin de realizar una estimación más exacta de las frecuencias alélicas fenotípicas y genotípicas de estos polimorfismos en los rebaños locales.

Se recomienda igualmente, promover y realizar estudios de asociación entre los marcadores moleculares identificados y rasgos de interés productivos y reproductivo, tales como edad a pubertad e intervalo entre partos, así como con rasgos de respuesta favorable a los tratamientos de sincronización de estros, súper ovulatorios y de inseminación artificial.

## BIBLIOGRAFIA

- Ajmone-Marsan, P., Fernando Garcia, J., Lenstra, J.A, and The globaldiv consortium. 2010. On the Origin of Cattle: How Aurochs Became Cattle and Colonized the World. *Evolutionary Anthropology* 19:148–157
- Autores, V. 2017. Aplicación de la Genética Molecular en la Producción Animal (online). *Revista Ecuatoriana de Ciencia Animal* 1(1 ENERO-AB). Accessed 19 Mar. 2022. Available at
- Aranguren-Méndez, J. 2004. El genotipo promisorio en la ganadería de doble propósito en Venezuela. *Memorias XII Congreso Venezolano de Producción Animal*. Maracay, 22-25/11, Edo. Aragua. Venezuela: 215-220 pp
- DNA Baser, S. A. DNA Baser Sequence Assembler. 2012. Romania: Heracle BioSoft SRL. On line: <http://www.DnaBaser.com>. 06/01/2014
- Beteta, M. 2014. La importancia de la ganadería en las expediciones y conquistas. La ganadería española en el descubrimiento de América. MAGRAMA y FEAGAS. Madrid. España. 126 pp
- Casas E (2006). Aplicación de la genómica para identificar genes que influyen sobre características económicamente importantes en animales. U.S. Meat Animal Research Center, ARS, USDA, Clay Center, Nebraska. *Arch Latinoam. Prod. Anim.* Vol. 14 (1): 24-31.
- Cobucci, J.A., A. Oliveira, T. Goncalves. 1997. Parâmetros genéticos de características reproductivas em suínos híbridos- comparação de métodos usados na estimativa. In: *Memorias Reuniao Anual Sociedade Brasileira Zootecnia*, (34): 314-316.
- Completo, N. 2022. Cómo citar el artículo (en línea, sitio web). Accessed 19 Mar. 2022. Available at <https://www.redalyc.org/pdf/4419/441942920008.pdf>.
- Cañón, J. 2022. (en línea, sitio web). Accessed 19 Mar. 2022. Available at [https://www.ucm.es/data/cont/docs/345-2013-11-08-molecular\\_information\\_livestock.pdf](https://www.ucm.es/data/cont/docs/345-2013-11-08-molecular_information_livestock.pdf).
- Corva P. M (2005). Marcadores moleculares para el mejoramiento animal. Departamento de Producción Animal. Facultad de Ciencias Agrarias UNMDP *Revista Braford* 21(54): 66-70.
- Fernández L, Méndez A, Guerra W, Suárez M. (2001). Estimación de curvas de lactancia estándar de la raza holsteins y siboney para su utilización en extensiones de lactancias. *Rev Cubana Cienc Agric.*35:99-104.
- Galarza A., L.R., F.P. Perea G., R.V. Guevara V., J.P. Alvarado M. y D.E. Argudo G. 2017. Caracterización de la fertilidad en un rebaño Holstein Neozelandés de la sierra Sur del Ecuador. *Maskana* 8:113-116.

- Gallagher, Chris J, Sai, A. J (2010). Biología molecular de la remodelación ósea: implicaciones para los nuevos blancos terapéuticos de la osteoporosis. *Rev Metab Óseo y Min*;8(2):60-71.
- Garza L., J.M. 2002. Determinación del número de variantes y frecuencias génicas de microsatélites de ADN en las razas bovinas Holstein Friesian y Simmental del noreste de México. Tesis de Maestría en Medicina Veterinaria. Universidad Autónoma de Nuevo León, San Nicolás de los Garza, Nuevo León, México.
- Hutter B, Helms V, Paulsen M. Tandem repeats in CpG island of imprinting genes. *Genomics* 2006; 88:323-332
- Julián Pérez Porto y Ana Gardey. Publicado: 2016. Actualizado: 2017. Definicion.de: Definición de biología molecular (<https://definicion.de/biologia-molecular/>)
- Mejía, L.G., R.A. Hernández, C.Y. Rosero, y C.E. Solarte. 2015. Análisis de la diversidad genética de ganado bovino lechero del trópico alto de Nariño mediante marcadores moleculares heterólogos de tipo microsatélite. *Rev. Med. Vet. Zoot.* 62(3):18-33. doi: 10.15446/rfmvz. v62n3.54938
- Rahimi, G., A. Nejati-Javaremi, D. Saneei, y K. Olek. 2006. Estimation of genetic variation in Holstein young bulls of Iran AI Station using molecular markers. *Asian-Australas. J. Anim. Sci.* 19(4):463-467. doi: doi.org/10.5713/ ajas.2006.463
- Silva D, Peña ME, Urdaneta F. 2010. Registros de control e indicadores de resultados en ganadería bovina de doble propósito. *Revista Científica, FCV-LUZ. Maracaibo* 20:
- Storz, G., Altuvia, S. y Wassarman, K.M. 2005. An abundance of RNA regulators. *Annual Review of Biochemistry*, 74: 199–217.
- Sunnucks, P. 2001. Efficient genetic markers for population biology. *Tree*, 15: 199–203 [Marcadores moleculares.pdf](#)

**Para cualquier característica cuantitativa se ha planteado el siguiente modelo:**

$$\begin{array}{l} \text{Comportamiento} \\ \text{Individual} \\ \text{(Fenotipo)} \end{array} = \begin{array}{l} \text{capacidad} \\ \text{Genética} \\ \text{(Genotipo)} \end{array} + \begin{array}{l} \text{Oportunidad} \\ \text{ambiental} \\ \text{(Ambiente)} \end{array}$$

Los registros individuales, de la producción de leche de las vacas del hato, es la información básica que sirve para llevar a cabo las evaluaciones genéticas en el ganado lechero. De acuerdo al modelo anterior, nos lleva a considerar la necesidad de que en el análisis de los registros de producción tomen en consideración los efectos ambientales

### **CUADRO # 1**

#### **ALGUNOS EFECTOS HEREDITARIOS COMUNMENTE ENCONTRADOS EN EL BOVINO PRODUCTOR DE LECHE**

<b>CARACTERÍSTICAS</b>	<b>COMENTARIOS</b>
Acondroplasia	Ternero Bulldog
Agnatia	Mandíbula inferior corta
Sindactilia	Pata de mula
Hipotricosis	Ausencia de pelo
Hipertrofia muscular	Doble músculo
Cola torcida	Cola corta y torcida
Atresia anal	Ausencia de la abertura anal
Enanismo	Rara vez alcanza la pubertad
Anquilosis	Extremidades encorvadas
Albinismo	Falta de pigmento en pelo

Es importante considerar la heredabilidad de cualquier característica, no es un valor absoluto. La heredabilidad varía dependiendo de la estructura genética de

la población y de las condiciones ambientales. En el cuadro 2 se presenta a la heredabilidad para diferentes características del ganado lechero.

## CUADRO # 2

### HEREDABILIDAD DE VARIAS CARACTERISTICAS EN GANADO LECHERO

<u>Características</u>	<u>HEREDABILIDAD %</u>
<b>Producción:</b>	
Leche	25
Grasa	25
Sólidos no grasos	21
% grasa	57
Proteína	25
% sólidos no grasos	54
% proteína	50
<b>SUSCEPTIBILIDAD A ENFERMEDADES:</b>	
Mastitis	10
Cetosis	5
Fiebre de leche	5
Ovarios quísticos	5
<b>CARACTERISTICAS CORPORALES</b>	
Peso corporal	35
Carácter lechero	25
Calificación del tipo	20
Eficiencia alimenticia	20
<b>CARACTERISTICAS DE LA UBRE</b>	
Sosten de la ubre	15
Sistema mamario	22
<u>Profundidad de la ubre</u>	<u>15</u>

El conocimiento de la repetibilidad, para las diferentes características, puede ser utilizado para seleccionar vacas del hato, para una mejor producción futura.

Cuando la repetibilidad para una característica es alta, la eliminación con base en el primer ciclo de producción será efectiva para mejorar la producción del hato en el siguiente año. Los valores de repetibilidad para algunas características se presentan en el siguiente cuadro.

**CUADRO # 3**  
**RETEBILIDAD PARA ALGUNAS CARACTERISTICAS EN**  
**GANADO LECHERO**

<b>CARACTERÍSTICA</b>	<b>REPETIBILIDAD %</b>
<b>PRODUCCIÓN:</b>	
Leche	53
Grasa	49
Sólidos no grasos	50
Total de sólidos	49
Proteínas	55
<b>PRCENTAJE:</b>	
Grasas	76
Sólidos no grasos	60
Total de sólidos	75
Proteínas	61

## PARÁMETROS DESCRIPTIVOS DE LOS MARCADORES MICROSATÉLITES

Los valores de los principales parámetros genéticos para cada uno de los 15 marcadores analizados con sus respectivos promedios se presentan en la Tabla 1. Al comparar lo obtenido en este trabajo con lo reportado por Riojas et al. (2009), quienes evaluaron 8 microsatélites en

**Tabla 1. Parámetros descriptivos de los 15 loci marcadores microsatélites analizados en los bovinos de raza Holstein (n = 52) en Cuenca, Ecuador.**

**Table 1. Descriptive parameters of the 15 microsatellite marker loci analyzed in Holstein cattle (n = 52), Cuenca, Ecuador.**

Marcador *	Na	fNul
CSRM60	6	0,00
CSSM66	7	0,04
INRA083	7	0,13
ETH3	12	0,14
BM1818	9	0,09
TGLA53	9	0,00
HEL9	8	0,05
LSTS006	8	0,11
TGLA122	11	0,14
BM2113	11	0,14
ETH10	8	0,20
SPS115	6	0,00
TGLA227	6	0,00
INRA032	9	0,03
ETH225	9	0,08
PROMEDIO (± EE)	8,4 (± 1,88)	0,08 (± 0,05)

Na: Número total de alelos pr marcador microsatélite.

fNul: Frecuencia estimada de alelos nulos.

EE: Error estándar.