UNIVERSIDAD
NACIONAL
DE COLOMBIA

Diversidad genómica, análisis de la composición racial y endogamia en ganado Lucerna de Colombia

Maira Alejandra Montoya Bedoya

Universidad Nacional de Colombia
Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Ciencia Animal
Palmira, Colombia
2023

Diversidad genómica, análisis de la composición racial y endogamia en ganado Lucerna de Colombia

Maira Alejandra Montoya Bedoya

Tesis o trabajo de investigación presentada(o) como requisito parcial para optar al título de:

Magister en Ciencias Agrarias

Director (a):

Ph.D. Juan Carlos Rincón Flórez

Línea de Investigación:

Producción Animal Tropical

Grupo de Investigación:

Recursos Zoogenéticos Palmira

Universidad Nacional de Colombia

Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Ciencia Animal

Palmira, Colombia

2023

A mi hijo

Declaración de obra original

Yo declaro lo siguiente:

He leído el Acuerdo 035 de 2003 del Consejo Académico de la Universidad Nacional. «Reglamento sobre propiedad intelectual» y la Normatividad Nacional relacionada al respeto de los derechos de autor. Esta disertación representa mi trabajo original, excepto donde he reconocido las ideas, las palabras, o materiales de otros autores.

Cuando se han presentado ideas o palabras de otros autores en esta disertación, he realizado su respectivo reconocimiento aplicando correctamente los esquemas de citas y referencias bibliográficas en el estilo requerido.

He obtenido el permiso del autor o editor para incluir cualquier material con derechos de autor (por ejemplo, tablas, figuras, instrumentos de encuesta o grandes porciones de texto).

Por último, he sometido esta disertación a la herramienta de integridad académica, definida por la universidad.

Maira Alejandra Montoya Bedoya

Nombre

01/08/2023

Fecha

Agradecimientos

Quiero expresar mi más sincero agradecimiento a todas las personas que contribuyeron de manera significativa en la realización de esta tesis y que hicieron posible culminar este importante proyecto académico.

En primer lugar, agradezco a Dios por guiarme y brindarme la fuerza necesaria durante este camino académico. Su presencia en mi vida fue mi mayor fuente de esperanza y motivación.

A mi director de tesis, el Dr. Juan Carlos Rincón Flórez, por su invaluable orientación, paciencia y sabios consejos a lo largo de todo el proceso de investigación. Su guía experta y apoyo constante fueron fundamentales para el éxito de este trabajo.

Al profesor Luis Gabriel González Herrera por sus aportes y colaboración, que fueron esenciales para el desarrollo de este proyecto.

Asimismo, agradezco a Laura Julieth Ponce Zúñiga, Daniela Villada Barbetti y Daniela Soto Ramírez por su acompañamiento en la toma de muestras y extracción de ADN.

También quiero agradecer a mi familia por su incondicional apoyo y comprensión durante esta etapa de mi vida. Gracias a su aliento y amor, encontré la motivación necesaria para superar cualquier obstáculo que se presentara en el camino.

A mis amigos, por siempre estar, siempre ser y por esa confianza que me brindan para no desfallecer en los momentos más desafiantes.

A la Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira, por brindarme la oportunidad de cursar mis estudios en esta prestigiosa institución. Durante estos años, he tenido el

privilegio de recibir una educación de calidad y de contar con el apoyo invaluable que me brindaron a lo largo del desarrollo de esta investigación.

A las ganaderías Reserva Natural el Hatico y Hacienda Lucerna, por brindarme la invaluable oportunidad de llevar a cabo mi tesis de investigación en sus instalaciones, su generosidad y disposición para permitirme acceder a su ganadería y realizar las actividades pertinentes fueron fundamentales para este estudio. Gracias a su colaboración, pude obtener datos y muestras relevantes que enriquecieron significativamente mi investigación.

No puedo dejar de mencionar el apoyo brindado por el personal de la biblioteca y los laboratorios de investigación, quienes facilitaron el acceso a recursos y materiales.

Finalmente, quiero expresar mi gratitud a todas las personas que de una forma u otra contribuyeron con su tiempo y conocimientos para hacer realidad esta tesis.

Este trabajo no hubiera sido posible sin el apoyo y la colaboración de cada uno de ustedes. A todos, ¡muchas gracias!

Resumen

Diversidad genómica, análisis de la composición racial y endogamia en ganado Lucerna de Colombia

En Colombia, existen 10 razas de bovinos criollos en diferentes regiones del país. En el Valle del Cauca existen dos razas, Hartón del Valle (HV) y Lucerna (LUC), en las que se desconocen muchos aspectos asociados a la genética. El HV es una raza localmente adaptada, con más de 500 años de historia y adaptación en el trópico colombiano. Por otro lado, Lucerna es una raza sintética compuesta por las razas Holstein 40%, Shorthorn 30% y Hartón del Valle 30%. A pesar de su importancia lechera en condiciones tropicales, Lucerna aún no ha sido completamente caracterizada. Ambas razas representan un valioso patrimonio genético, y su estudio puede proporcionar valiosa información para su conservación, utilización y manejo adecuado en el contexto de la ganadería colombiana. Ambas razas son objeto de estudio, para determinar los parámetros genéticos en el caso de Lucerna y la diversidad genética, composición racial y mezcla en ambas razas. Para esto, se utilizó la información de las ganaderías (Reserva Natural el Hatico y hacienda Lucerna) de Lucerna y la población de HV de la Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. En relación con Lucerna, se evaluó la producción total de leche (PTL) y el intervalo entre partos (IEP) en un grupo de animales registrados entre 1968 y 2021. Se encontró un buen desempeño productivo y reproductivo, con una media de producción de leche de 2844.93±6.23 por lactancia y un intervalo entre partos de 392.53±0.57 días. Las heredabilidades para PTL e IEP fueron 0.14±0.02 y 0.03±0.01, respectivamente. Las repetibilidades fueron de 0.31±0.01 y 0.08±0.01, para PTL e IEP, respectivamente. La correlación genética entre las dos características fue de -0.05±0.00. Las tendencias genéticas para ambas características fueron cercanas a cero, lo que sugiere la implementación de un programa de selección basado en valores genéticos predichos para mejorar estas características. Por otro lado, se analizaron los patrones de diversidad genética, la mezcla y composición racial de HV y Lucerna, utilizando información

genealógica y análisis de ADN. Lucerna mostró un MAF promedio de 0.31 mientras que HV tuvo 0.28, con mayor heterocigosidades observada y esperada para Lucerna. Ambas razas presentaron fragmentos homocigóticos largos, asociados con mayor endogamia reciente. Los análisis de PCA y estructuración poblacional mostraron una clara separación entre las dos razas, estando HV más cerca de Romosinuano y los bovinos ibéricos. El análisis mediante Admixture reveló la presencia entre 7 y 8 poblaciones distintas, coincidiendo las 8 poblaciones con la cantidad de razas utilizadas. El análisis de Treemix mostró una clara separación genética entre HV y LUC, sin evidencia de migración genética de otras razas en ninguna de las dos. Se encontró menor diversidad en la población HV, lo que concuerda con los reportes de la FAO que establecen que la raza Lucerna presenta una población importante y está fuera de riesgo.

Palabras clave: Evaluación genética, corridas de homocigosidad, genética de poblaciones, raza autóctona, reproducción.

Abstract

Genomic diversity, breed composition analysis and inbreeding in Lucerna cattle from Colombia

In Colombia, there are 10 Creole cattle breeds in different regions of the country. In Valle del Cauca there are two breeds, Hartón del Valle (HV) and Lucerna (LUC), in which many aspects associated with genetics are unknown. The HV is a locally adapted breed, with more than 500 years of history and adaptation in the Colombian tropics. On the other hand, Lucerna is a synthetic breed made up of 40% Holstein, 30% Shorthorn and 30% Hartón del Valle breeds. Despite its dairy importance under tropical conditions, Lucerna has not yet been fully characterized. Both breeds represent a valuable genetic patrimony, and their study can provide valuable information for their conservation, use and proper management in the context of Colombian livestock. Both breeds are the object of study, to determine the genetic parameters in the case of Lucerne and the genetic diversity, racial composition and mixture in both breeds. For this, the information of the cattle ranches (El Hatico Natural Reserve and Lucerna ranch) of Lucerna and the HV population of the National University of Colombia, Palmira campus, were used. In relation to Lucerne, the total milk production (PTL) and the interval between calvings (IEP) were evaluated in a group of animals registered between 1968 and 2021. A good productive and reproductive performance was found, with an average milk production of 2844.93±6.23 per lactation and an interval between calvings of 392.53±0.57 days. The heritabilities for PTL and IEP were 0.14±0.02 and 0.03±0.01, respectively. The heritabilities for PTL and IEP were 0.14±0.02 and 0.03±0.01, respectively. The repeatabilities were 0.31±0.01 and 0.08±0.01, for PTL and IEP, respectively. The genetic correlation between the two characteristics was -0.05±0.00. Genetic trends for both traits were close to zero, suggesting the implementation of a selection program based on predicted breeding values to improve these traits. On the other hand, the patterns of genetic diversity, admixture and racial composition of HV and Lucerne

were analyzed, using genealogical information and DNA analysis. Lucerna showed an average MAF of 0.31 while HV had 0.28, with higher observed and expected heterozygosities for Lucerna. Both breeds presented long homozygous fragments, associated with more recent inbreeding. The PCA and population structuring analyzes showed a clear separation between the two breeds, with HV being closer to Romosinuano and Iberian bovines. The analysis using Admixture revealed the presence between 7 and 8 different populations, the 8 populations coinciding with the number of breeds used. Treemix analysis showed a clear genetic separation between HV and LUC, with no evidence of genetic migration from other races in either. Less diversity was found in the HV population, which agrees with the FAO reports that establish that the Lucerna breed presents an important population and is out of risk.

Keywords: Genetic evaluation, runs of homozygosity, population genetics, indigenous breed, reproduction.

Contenido

Pág.

Resumen ..... **XI**

Lista de figuras ..... **XVII**

Lista de tablas ..... **XIX**

Lista de Símbolos y abreviaturas ..... **XX**

Introducción **1**

1. Parámetros y tendencias genéticas para producción de leche e intervalos entre partos en el ganado Lucerna de Colombia **3**
1.1 Resumen 3
1.1.1 Abstract 4
1.2 Introducción 5
1.3 Materiales y métodos 7
1.3.1 Localización 7
1.3.2 Tamaño muestral 7
1.3.3 Análisis estadístico 8
1.4 Resultados 11
1.4.1 Análisis descriptivo 11
1.4.2 Parámetros genéticos y componentes de varianza 12
1.4.3 Tendencias fenotípicas y genéticas 12
1.5 Discusión 15
1.6 Referencias 22

2. Diversidad, composición y relaciones genéticas del ganado Hartón del Valle y Lucerna de Colombia **27**
2.1 Resumen 27
2.1.1 Abstract 28
2.2 Introducción 29
2.3 Materiales y métodos 31
2.3.1 Animales y extracción de ADN 31
2.3.2 Genotipado 32
2.3.3 Desequilibrio de ligamiento (LD), diversidad y Tamaño efectivo poblacional (Ne) 32
2.3.4 Análisis de los tramos de homocigosidad (ROH) y endogamia 33
2.3.5 Análisis de estructuración genética, Admixture y Treemix 34
2.4 Resultados 36

2.4.1 Desequilibrio de ligamiento (LD), diversidad y Tamaño efectivo poblacional (Ne) 36
2.4.2 Análisis de los tramos de homocigosidad (ROH) y endogamia 40
2.4.3 Análisis de estructuración genética, Admixture y Treemix 43
2.5 Discusión 54
2.6 Material suplementario 65
2.7 Referencias 70

3. Conclusiones y recomendaciones 77
3.1 Conclusiones 77
3.2 Recomendaciones 78

Referencias 81

Lista de figuras

Pág.

Figura 1-1: Tendencia fenotípica (A) y genética (B) de Producción total de leche en el ganado. 13
Figura 1-2: Tendencia fenotípica (A) y genética (B) de Intervalo entre partos del ganado. 14
Figura 2-1: Distribución de Frecuencia de Alelos Menores (MAF) para las razas Hartón del Valle (HV) y Lucerna (LUC). 37
Figura 2-2: Decaimiento del desequilibrio de ligamiento (r^2) por distancia para Hartón del Valle (HV) y Lucerna (LUC). 39
Figura 2-3: Tamaño Efectivo de la Población (Ne) para las Razas HV y LUC en las últimas 50 generaciones, basado en LD. 40
Figura 2-4: Análisis de componentes principales (PC1 vs PC2) a partir de genotipos SNP en las razas Hartón del Valle (HV) y Lucerna (LUC). 44
Figura 2-5: Análisis de componentes principales (A) (PC1 vs PC2) y (B) (PC1 vs PC3) a partir de genotipos SNP en las razas conformadoras de Lucerna. 45
Figura 2-6: Análisis de componentes principales (A) (PC1 vs PC2) y (B) (PC1 vs PC3) a partir de genotipos SNP de todas las razas. 46
Figura 2-7: Análisis de componentes principales (PCA) en 3D de todas las razas. ..47
Figura 2-8: Dendrograma y mapa de calor basado en distancias genómicas de las razas evaluadas. 49
Figura 2-9: Árbol filogenético a partir de distancias genéticas entre las diferentes razas bovinas evaluadas. BRA=Brahman, GIR=Gyr, HOL=Holstein, HV=Hartón del Valle, LUC=Lucerna, NAN=Negra Andaluza, ROM=Romosinuano y SHO=Shorthorn. La sigla de cada raza representa un individuo. 50
Figura 2-10: Análisis de validación cruzada con K de 2 a 12 poblaciones ancestrales hipotéticas del ganado Brahman (BRM), Gyr (GIR), Holstein (HOL), Hartón del Valle (HV), Lucerna (LUC), Negra Andaluza (NAN), Romosinuano (ROM) y Shorthorn (SHO) mediante análisis de Admixture. El mejor K fue aproximadamente K=8 según el CVerror. 52
Figura 2-11: Análisis de Treemix con dos eventos de migración. 53
Figura 2-12: Varianza explicada por los 20 primeros componentes principales de HV y LUC. 65
Figura 2-13: Varianza explicada por los 20 primeros componentes principales de las razas que componen Lucerna. 66

Figura 2-14: Varianza explicada por los 20 primeros componentes principales con todas las razas. 67
Figura 2-15: Análisis de validación cruzada con K de 2 a 6 poblaciones ancestrales hipotéticas del ganado Holstein (HOL), Hartón del Valle (HV), Lucerna (LUC) y Shorthorn (SHO) mediante análisis de Admixture. 68
Figura 2-16: Modelo lineal de migraciones 69

Lista de tablas

Pág.

Tabla 1-1: Estadística descriptiva para Producción total de leche (PTL) e Intervalo entre partos (IEP) en ganado Lucerna. 11
Tabla 1-2: Valores genéticos y componentes de varianza para Producción total de leche (PTL) e Intervalo entre partos (IEP) en ganado Lucerna de Colombia. 12
Tabla 2-1: Parámetros de diversidad en ganado Hartón del Valle y Lucerna. 37
Tabla 2-2: Coeficiente de consanguinidad por ROH y distribución de ROH en los diferentes fragmentos de longitud (1-4 Mb, 4-8 Mb, 8-12 Mb y >12 Mb) para las razas HV y LUC. 42
Tabla 2-3: Valores de FSTs pareados de Slatkin (debajo de la diagonal) y número de migrantes (encima de la diagonal) entre las diferentes razas de bovinos evaluados. 48

Lista de Símbolos y abreviaturas

Abreviaturas

Abreviatura	Término
BON	Blanco Orejinegro
BRM	Brahman
CVE	Error de validación cruzada
EP	Edad al parto
FIS	Índice de fijación
GIR	Gyr
HE	Heterocigosidad esperada
HET	Heterocigosidades
HO	Heterocigosidad observada
HOL	Holstein
HV	Hartón del Valle
HWE	Equilibrio de Hardy Weinberg
IBS	Matriz de distancias genómicas
IEP	Intervalo entre partos
LD	Desequilibrio de ligamiento
LUC	Lucerna
MAF	Frecuencia del alelo menor
NAN	Negra Andaluza
NP	Número de parto
PCA	Análisis de componentes principales
PTL	Producción total de leche
ROH	Regiones de homocigosidad
ROM	Romosinuano
SNP	Polimorfismos de nucleótido simple
SHOR	Shorthorn

Introducción

Los bovinos fueron traídos por primera vez a América en el segundo viaje de Cristóbal Colón (1493) y posteriormente en otros viajes. Provenían principalmente de la zona de Andalucía (España), aunque también hay evidencia de transporte de animales desde las islas Canarias, por lo que se cree que los animales actuales de esas zonas de España tuvieron ancestros comunes con los ganados criollos de América. Los bovinos traídos de España fueron mantenidos en las Antillas (Especialmente en la isla La Española) hasta lograr una población importante de animales (Aproximadamente 10000). Posteriormente, se concedieron permisos para la entrada a la zona continental, por Santa Marta, Cartagena, el Cabo de la Vela, Panamá, Perú, entre otros sitios. De esos animales, se cree que se formaron las diferentes poblaciones de ganado criollo de Colombia (Martínez S et al., 2012).

El ganado bovino entró al Valle del Cauca principalmente por el sur desde Perú, de esos ganados se formó la raza criolla Hartón del Valle, que sufrió procesos de selección y adaptación para producir en las condiciones climáticas del Valle del Cauca (Federación Colombiana de Ganaderos [FEDEGAN], 2007), confiriéndoles características de rusticidad, tolerancia a enfermedades y parásitos y capacidad de producir en condiciones complejas, donde las razas especializadas presentan dificultades (Martínez S et al., 2012). Muchos de estos bovinos han sido absorbidos con razas especializadas, y en algunos casos se han cruzado o mantenidos puros bajo selección fenotípica, buscando mejores características para rasgos económicamente importantes, con el fin de crear estrategias que ayuden a alinear el potencial genético para mejorar los sistemas productivos (Carvalheira et al., 1998).

Otra de las razas propias del Valle del cauca es la raza Lucerna, creada de manera artificial a partir de las razas Hartón del Valle (30%) y sus cruzamientos con las razas Holstein (40%) y Shorthorn (30%) con la intención de obtener individuos rústicos y adaptados a las condiciones propias del trópico bajo, pero con una buena aptitud para la producción de

leche y carne. El ganado Lucerna se originó en 1937 en la hacienda Lucerna, en Bugalagrandre, Valle de Cauca, a partir de cruzamiento mencionado anteriormente. Desde entonces se ha sometido a procesos selectivos y de endocría que han permitido la estabilización racial (Mahecha et al., 2002), por lo que en 1983 fue declarada como raza bovina colombiana y actualmente se reconoce como raza bovina colombiana en el DAD-IS (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO], 2018), adaptado para la producción de leche en las condiciones propias del Valle del Cauca, que se caracteriza por presentar pastos de baja calidad nutricional, alta temperatura y humedad a lo largo del año, presencia de gran variedad de parásitos y condiciones difíciles para los ganados especializados (Durán, 1970; Mahecha et al., 2002).

Por lo anterior, la raza Lucerna es un recurso genético de gran importancia para el Valle del Cauca, con características zootécnicas importantes, como peso promedio al nacimiento para machos 39 kg y hembras 37 kg, así mismo, la raza predomina por su comportamiento reproductivo, con un intervalo entre partos de 382 días en promedio y una producción de leche media anual por vaca de 2925 kg promedio (Durán, 1970). La raza criolla Lucerna, con sus cualidades zootécnicas y adaptativas, constituye un recurso genético importante para el sector ganadero de Colombia, pero su multiplicación y uso sostenible se ven limitados debido a la falta de investigación y caracterización completa (Martínez Correal, 2010).

En este trabajo se presentará una primera unidad asociada con la caracterización productiva y la estimación de los parámetros genéticos para producción de leche total por lactancia e intervalo entre partos en ganado Lucerna, por ser dos de las características más importantes para los sistemas de producción lechera. Además, se termina con la presentación de tendencias genéticas en el tiempo para estas características. Una segunda unidad, plantea el desarrollo de la evaluación de la diversidad en la raza Lucerna comparada con Hartón del Valle. Además, se evalúan parámetros de estructuración poblacional, ancestría, mezcla y relaciones genómicas entre Lucerna, Hartón del Valle, y otras razas de importancia para la conformación de la raza Lucerna o que posiblemente se haya introducido en la historia de formación de la raza en el país.

1. Parámetros y tendencias genéticas para producción de leche e intervalos entre partos en el ganado Lucerna de Colombia

Parameters and genetic trends for total milk yield and calving interval in Lucerna cattle from Colombia

1.1 Resumen

El objetivo del presente trabajo fue determinar los parámetros y tendencias genéticas para las características producción total de leche (PTL) e intervalo entre partos (IEP), en ganado Lucerna de Colombia. Para esto, se tomó la información histórica de 11639 animales puros registrados entre 1968 y 2021. El pedigrí estuvo conformado por 15 generaciones y se contó con información productiva de 22775 partos y lactancias de la reserva Natural el Hatico y la hacienda Lucerna del departamento del Valle del Cauca. Esta información fue depurada para eliminar valores fisiológicamente anormales y eliminar los animales que en su composición racial tuvieran valores inferiores a 90% de la raza Lucerna, según el pedigrí. A partir de la información, se estimaron los parámetros genéticos y fenotípicos para las características mediante modelos animales unicarácter y bicarácter. La determinación de los componentes de varianza y los parámetros genéticos se realizó usando el procedimiento del promedio de información por máxima verosimilitud restringida (AIREML) incluido en la familia de programas del BLUPF90. Las tendencias genéticas se determinaron mediante regresión lineal entre los valores genéticos, fenotípicos y el año de nacimiento, utilizando el software R. Se encontró una media de producción total de leche de 2844.93±6.23 litros por lactancia ajustada después de corrección, adicionalmente, se obtuvo un intervalo entre partos medio de 392.53±0.57 días, lo que muestra el buen desempeño productivo y reproductivo de la raza. Las heredabilidades para PTL e IEP

fueron 0.14±0.02 y 0.03±0.01 respectivamente. Por otra parte, las repetibilidades fueron de 0.31±0.01 y 0.08±0.01, respectivamente para PTL e IEP. La correlación genética entre las dos características fue de -0.05±0.00. Las tendencias genéticas para PTL e IEP, son cercanas a cero y las tendencias fenotípicas presentan oscilaciones durante el periodo de tiempo evaluado. Por lo cual, se recomienda implementar un programa de selección con base en valores genéticos predichos, para las dos características.

Palabras clave: Correlación genética, heredabilidad, producción lechera, recursos zoogenéticos.

1.1.1 Abstract

The aim of the present work was to determine the parameters and genetic trends for traits total dairy yield (TDY) and calving interval (CI), in Lucerna cattle from Colombia. For this, the historical information of 11639 pure animals registered between 1968 and 2021 was taken. The pedigree was made up of 15 generations and there was productive information on 22775 births and lactations from the El Hatico Natural Reserve and the Lucerna farm in the department of Valle del Cauca. This information was filtered to eliminate physiologically abnormal values and eliminate animals that in their racial composition had values less than 90% of the Lucerna breed, according to the pedigree. From the information, the genetic and phenotypic parameters for the characteristics were estimated using single- and bi-character animal models. The determination of the variance components and the genetic parameters was carried out using the Restricted Maximum Likelihood Information Mean (AIREML) procedure included in the BLUPF90 family of programs. Genetic trends were determined by linear regression between genetic and phenotypic values and year of birth, using R software. An average total milk production of 2844.93 ± 6.23 liters per adjusted lactation after correction was found, additionally, an average calving interval of 392.53 ± 0.57 days was obtained, which shows good performance. productive and reproductive of the breed. The heritabilities for PTL and IEP were 0.14±0.02 and 0.03±0.01 respectively. On the other hand, the repeatabilities were 0.31±0.01 and 0.08±0.01, respectively for PTL and IEP. The genetic correlation between the two characteristics was -0.05±0.00. The trends genetic for PTL and IEP are close to zero and the phenotypic tendencies present

oscillations during the period of time evaluated. Therefore, it is recommended to implement a selection program based on predicted breeding values, for the two characteristics.

Key words: Genetic correlation, heritability, milk productionn, animal genetic resources.

1.2 Introducción

La raza Lucerna es una raza sintética colombiana formada inicialmente desde 1937; por el agrónomo Carlos Durán Castro en el Valle del Cauca, compuesta por el cruzamiento de razas Holstein 40%, Shorthorn 30% y Hartón del Valle 30%, con el propósito de desarrollar una raza adaptada a las condiciones tropicales con la alternativa para producir leche y carne en dichas condiciones climáticas (Durán & Manrique, 1999).

Los reportes describen para la raza una producción media anual de leche por vaca de 2925 kg, un intervalo entre partos de 382.1 días, valores que pueden considerarse favorables productivamente, si se compara con los parámetros productivos de otras razas bajo condiciones de producción similares (Durán, 1970).

La raza lucerna constituye un recurso genético valioso para la producción en el Valle del Cauca, no sólo por su buen desempeño productivo y reproductivo, sino por su adaptación y capacidad de soportar condiciones difíciles donde algunas razas especializadas no podrían, en 1983 fue declarada oficialmente como raza bovina colombiana por el Instituto Colombiano Agropecuario y posteriormente incluida en el DAD-IS de la FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO], 2018), a pesar de ser un recurso genético importante el ganado Lucerna como muchos de los ganados criollos colombianos ha sido poco estudiado y aunque se reconocen sus bondades, se desconocen muchos aspectos de importancia para los programas de mejoramiento.

El mejoramiento genético animal en algunas razas criollas de Colombia se ha realizado por los productores durante muchos años, pero principalmente se ha basado en registros fenotípicos en lugar de valores genéticos. Esto puede afectar la respuesta a la selección esperada, ya que la selección eficaz depende de los parámetros genéticos de las características en la población que se está seleccionando. Al utilizar los valores genéticos

de los individuos en lugar de simplemente sus características fenotípicas (con efectos ambientales), se pueden seleccionar aquellos que tienen una mayor probabilidad de transmitir los genes deseados a su descendencia (Piñeira et al., 2009).

En el mejoramiento genético, a menudo se seleccionan individuos en función de un conjunto especifico de características deseables. Esta selección puede llevar a cabo mejoras significativas en dichas características, pero puede tener consecuencias indeseadas en otras características si se ignoran las correlaciones genéticas que pueden existir (Taye et al., 2018). La producción de leche acumulada ha sido el principal criterio de selección en razas lecheras. Sin embargo, es importante tener en cuenta que la selección basada únicamente en la producción de leche puede tener un impacto negativo en otros parámetros reproductivos como el intervalo entre partos que es determinante en la eficiencia de los sistemas de producción de leche (Gatica, 2020).

La producción total de leche (PTL) y el intervalo entre partos (IEP) son algunas de las características productivas más importantes para la producción láctea (Dominguez-Castaño et al., 2020). La producción total de leche es una medida importante de la capacidad de una vaca para producir leche durante una lactancia completa. Por otro lado, el intervalo entre partos se refiere al tiempo que transcurre entre el parto de una vaca y su siguiente parto. Un intervalo más corto entre partos significa que una vaca puede tener más partos en su vida productiva, lo que puede aumentar la producción de leche a lo largo de su vida y reducir los costos de reemplazo de animales.

Es importante tener en cuenta que por lo general existe una correlación positiva entre la PTL e IEP. Es decir, cuanto mayor sea la producción de leche de una vaca, es probable que tenga un intervalo entre partos más largo. Por lo tanto, los programas de mejoramiento genético deben tener en cuenta ambas características y encontrar un equilibrio adecuado entre ellas para lograr una producción eficiente y sostenible (Berry et al., 2016).

Por lo expuesto, el objetivo del presente trabajo fue determinar los parámetros y tendencias genéticas para las características producción total de leche (PTL) e intervalo entre partos (IEP), en ganado Lucerna de Colombia.

1.3 Materiales y métodos

1.3.1 Localización

Este trabajo se desarrolló usando la información histórica (1968-2021) obtenida de la Reserva Natural el Hatico y la Hacienda Lucerna, lugar de origen de la raza, ambas ubicadas en el departamento del Valle del Cauca. La Reserva Natural El Hatico está localizada en el municipio de El Cerrito a una altura de 1.000 m.s.n.m. con temperatura promedio de 24°C. La Hacienda Lucerna se encuentra ubicada en el municipio de Bugalagrande, altura promedio de 960 m.s.n.m. y temperatura de 24°C. Las condiciones de manejo, alimentación y sanidad fueron similares en ambas ganaderías, los animales se mantuvieron en pastoreo, suplementados con subproductos de molinería como pulimento de arroz, afrecho de yuca y melaza de caña. Las producciones realizan dos ordeños, uno cada doce horas. Se emplean diferentes tipos de pastos, incluyendo *Cynodon plectostachyus*, *Megathyrsus maximus*, *Dichanthium aristatum*, entre otros, con presencia de árboles entre los que sobresale *Leucaena leucocephala*, *Ceratonia siliqua*, *Albizia guachapele*, *Guazuma ulmifolia*, etc, donde los animales ramonean directamente.

1.3.2 Tamaño muestral

Teniendo en cuenta la información histórica se contó con registros de 11639 hembras puras con registros de producción, las cuales contaron con mediciones tomadas entre 1968 y 2021, un pedigrí conformado por 15 generaciones, información productiva de 22775 partos y lactancias. Esta información fue depurada intentando eliminar valores fisiológicamente anormales o que generaban sospecha de su veracidad, para la PTL se descartaron lactancias con duraciones menores a 220 días y mayores a 450 días, con producciones menores a 517 litros y mayores a 5258 litros, de acuerdo con los valores considerados normales en este tipo de sistemas de producción por los criadores, teniendo en cuenta para todos los casos de la depuración las tres desviaciones estándar. Para el IEP se eliminaron vacas con intervalos menores de 280 días y mayores de 650 días; también se descartaron las vacas cuya composición racial por pedigrí presentan valores menores a 90% de la raza Lucerna (lo que los clasificaría como no puros de acuerdo con los criadores de la raza). Toda la información se depuró con el software R versión 4.1.2 (R Core Team, 2023).

Después de la depuración, se contó con 13993 registros de animales para la característica PTL y 18586 para la característica de IEP, de los cuales 11639 fueron pareados, es decir, se estableció una correspondencia o emparejamiento entre el IEP anterior y la PTL para el mismo animal.

1.3.3 Análisis estadístico

Se llevó a cabo un análisis estadístico descriptivo, donde se estimaron medias, desviación estándar y coeficientes de variación para las características de (PTL) e (IEP) en el software R versión 4.1.2 (R Core Team, 2023).

Para determinar el mejor modelo lineal a ser utilizado en la evaluación genética de las características PTL e IEP, se consideraron todos los factores identificados como fuentes significativas de variación para estas características. Se empleó la metodología stepwise para determinar el modelo más adecuado, considerando como criterios de comparación de modelos, los valores de AIC, BIC y R^2, descritos en un análisis previo por (Acuña et al., 2012). Inicialmente, se observó una fuerte relación entre la edad al parto (EP) y el número de partos (NP). Aunque NP se considera una variable cualitativa, se incluyó como efecto fijo en el análisis, ya que su inclusión no alteraba significativamente la estimación. Esto se debió a que, tanto el modelo con la variable NP como el modelo con solo EP tenían valores de R^2 similares. Sin embargo, con el objetivo de simplificar el modelo y evitar redundancias, se optó por conservar solo la variable EP, que presentaba una mejor bondad de ajuste y una interpretación más clara. Se probaron todos los modelos con las interacciones que sugirió la metodología stepwise, los modelos incluyeron interacciones y algunas características de difícil comprensión por lo que se definió conservar el mejor modelo sin términos redundantes. Por lo tanto, los modelos utilizados para PTL e IEP fueron los siguientes (ver Ecuación 1.1).

$$Y_{ij} = \boldsymbol{\mu} + \boldsymbol{\beta_i} + \boldsymbol{\delta_j} + \boldsymbol{\varepsilon_{ij}} \quad (1.1)$$

Donde:
Yij: rasgo a evaluar (PTL, IEP),
μ: media poblacional del rasgo,
βi: efecto fijo de la i-ésima finca (i= 1,2),
$\boldsymbol{\delta}$j: efecto fijo del j-ésimo año de parto de la vaca (j = 1980, …, 2017),
εij: error aleatorio asociado con cada observación.

Los componentes de la varianza y los valores genéticos de cada característica se estimaron utilizando un modelo animal unicarácter usando el procedimiento del promedio de información por máxima verosimilitud restringida (AIREML) incluido en la familia de programas BLUPF90 (Misztal et al., 2015). Se calcularon los parámetros genéticos de heredabilidad estricta (h^2) y repetibilidad (r) para las variables (PTL) e (IEP) en vacas de la raza Lucerna con su respectivo error estándar. Se usó el modelo unicarácter para estos parámetros genéticos porque permite tener mayor cantidad de información y menos error estándar que en el bicarácter, que depende de los datos pareados para las dos características. El modelo como ecuación fue el siguiente (ver Ecuación 1.2).

$$Y = \mathrm{X}\beta + \mathrm{Z}\alpha + \mathrm{W}\mathrm{p} + \mathrm{e} \quad (1.2)$$

Donde:

Y: vector de observaciones (PTL e IEP); X, Z y W: matrices de incidencia conocida que relacionan los registros con los efectos fijos y aleatorios; β: vector de efectos fijos (finca, año de parto); edad al parto se incluyó como covariable para ambas características y días de lactancia (solo para PTL); α: vector de efectos aleatorios genéticos aditivos del animal; p: vector de los efectos aleatorios del ambiente permanente; e: vector de los efectos aleatorios residuales.

La heredabilidad (ver Ecuación 1.3) y repetibilidad (ver Ecuación 1.4) fueron definidas matemáticamente por (Elzo & Vergara, 2012) a través de las fórmulas siguientes:

$$h^2 = \frac{\sigma_\alpha^2}{\sigma_\alpha^2+\sigma_{ep}^2+\sigma_e^2} \quad (1.3)$$

$$r = \frac{(\sigma_\alpha^2+\sigma_{ep}^2)}{\sigma_\alpha^2+\sigma_{ep}^2+\sigma_e^2} \quad (1.4)$$

Donde:

h^2: heredabilidad estricta, r: repetibilidad; σ^2a: varianza genética aditiva, σ^2ep: varianza ambiental permanente, σ^2e: varianza de los efectos residuales.

Los componentes de (co)varianza se estimaron utilizando un modelo animal bicaracterístico mediante máxima verosimilitud restringida usando el software BLUPF90, incluyendo para ambas variables los efectos fijos (finca, año de parto). Como efectos aleatorios se incluyeron el efecto aditivo del animal y el efecto del ambiente permanente. El modelo matricial (ver Ecuación 1.5) que se utilizo fue:

$$\begin{bmatrix} Y_1 \\ Y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} pe_1 \\ pe_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \quad (1.5)$$

Donde:

Yi: vector de n observaciones para cada característica i (PTL e IEP); *b*i: vector de solución para los efectos fijos (finca y año de parto y la covariable duración de la lactancia para PTL y edad al parto para ambas características); ai: vector de solución para los efectos aleatorios del animal; pei: vector de solución para los efectos aleatorios del ambiente permanente; e: vector de efectos residuales; Xi, Zi y Wi: Matriz de incidencia de los efectos fijos, los efectos aleatorios del animal y los efectos aleatorios del ambiente permanente.

Las correlaciones fenotípicas (rf) y genética (rg) (ver Ecuación 1.6) entre las dos características analizadas, fueron definidas de la siguiente manera:

$$rf = \frac{\sigma_{fij}}{\sqrt{\sigma^2{}_{fi}\sigma^2{}_{fj}}}, rg = \frac{\sigma_{aij}}{\sqrt{\sigma^2{}_{ai}\sigma^2{}_{aj}}} \quad (1.6)$$

Dónde:

σ_{fij}: covarianza fenotípica para los caracteres i y j; $\sigma^2{}_{fi}$: varianza fenotípica para la característica i; $\sigma^2{}_{fj}$: varianza fenotípica para la característica j; σ_{aij}: covarianza genética para los caracteres i y j; $\sigma^2{}_{ai}$ varianza genética para la característica i y $\sigma^2{}_{aj}$: varianza genética para la característica j.

Para evaluar las tendencias genéticas se tomaron los valores fenotípicos después de la depuración y los valores genéticos estimados a partir del modelo unicarácter planteado anteriormente para PTL e IEP. A partir de esta información se realizó un diagrama de dispersión de los valores genéticos y fenotípicos respecto al año de nacimiento de los animales y se realizó un modelo de regresión lineal para describir el comportamiento mediante el programa R versión 4.1.2 (R Core Team, 2023).

1.4 Resultados

1.4.1 Análisis descriptivo

La evaluación descriptiva permitió estimar una media para PTL de 2844.93±6.23 litros por lactancia y para IEP de 392.53±0.57 días. En la Tabla 1-1 se muestran el número de observaciones, las medias, desviación estándar y coeficientes de variación de las características estudiadas.

Tabla 1-1: Estadística descriptiva para Producción total de leche (PTL) e Intervalo entre partos (IEP) en ganado Lucerna.

Característica	N	Media ±SE	SD	CV	Min	Max
PTL	13993	2844.93±6.23	734.50	25.82%	517.00	5256.00
IEP	18586	392.53±0,57	64.39	16.41%	280.30	649.96

Número de registros (N), error estándar (SE), desviación estándar (SD), coeficiente de variación (CV).

1.4.2 Parámetros genéticos y componentes de varianza

A partir del modelo unicarácter se pudo determinar la varianza fenotípica para PTL de 326821 y su varianza genética 47275, los demás valores de la descomposición de la varianza fenotípica se pueden observar en la Tabla 1-2. Se determinó una heredabilidad de 0.14±0.02 y una repetibilidad 0.31±0.01 para la característica PTL.

Para el caso de IEP, la varianza fenotípica fue de 3977.41 y la genética 157.81, así mismo, la heredabilidad fue de 0.03±0.01 y repetibilidad de 0.08±0.01 como se muestra en la tabla 1-2.

Tabla 1-2: Valores genéticos y componentes de varianza para Producción total de leche (PTL) e Intervalo entre partos (IEP) en ganado Lucerna de Colombia.

Característica	h^2	*Repetibilidad*	σf^2	$\sigma^2 a$	$\sigma^2 ap$	$\sigma^2 e$
PTL	0.14±0.02	0.31±0.01	326281	47275	54226	225320
IEP	0.03±0.01	0.08±0.01	3977.41	157.81	195.60	3624.0

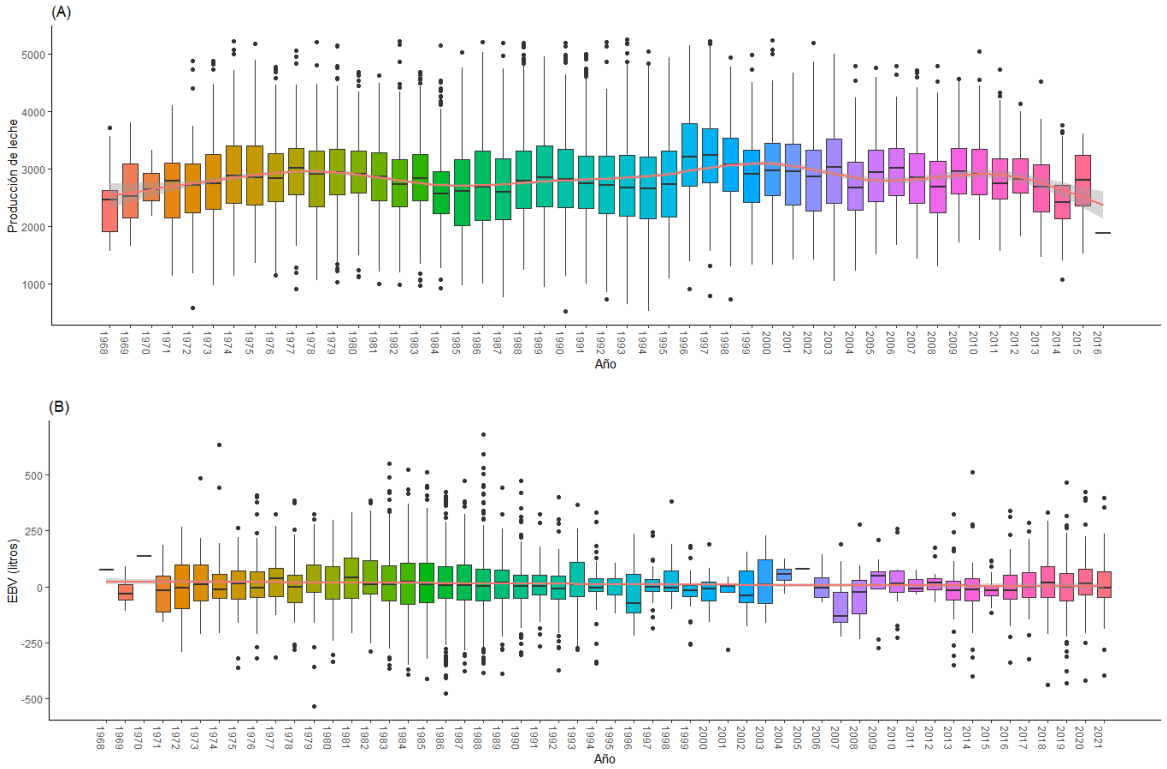
Heredabilidad (h^2), varianza genética aditiva (σ^2a), varianza del ambiente permanente (σ^2ep), varianza fenotípica (σf^2), varianza residual (σ^2e).

Por otra parte, el modelo bicarácter permitió establecer una correlación genética entre PTL e IEP de (-0.05±0.00) y una correlación fenotípica de (0.32±0.02).

1.4.3 Tendencias fenotípicas y genéticas

La tendencia fenotípica para PTL (**Fig. 1-1A**), presenta oscilaciones durante el tiempo evaluado, lo que sugiere que no hay una presión de selección constante sobre este carácter a lo largo de los años, el incremento fenotípico fue de 3.66 litros/año con un bajo coeficiente de determinación (R^2= 0.002). Por otra parte, la tendencia genética de PTL es casi una línea horizontal (**Fig. 1-1B**), lo que sugiere que no hay una presión de selección importante sobre este carácter en el tiempo y por lo tanto no hay progreso genético, además, el coeficiente de determinación es muy bajo (R^2=0.001).

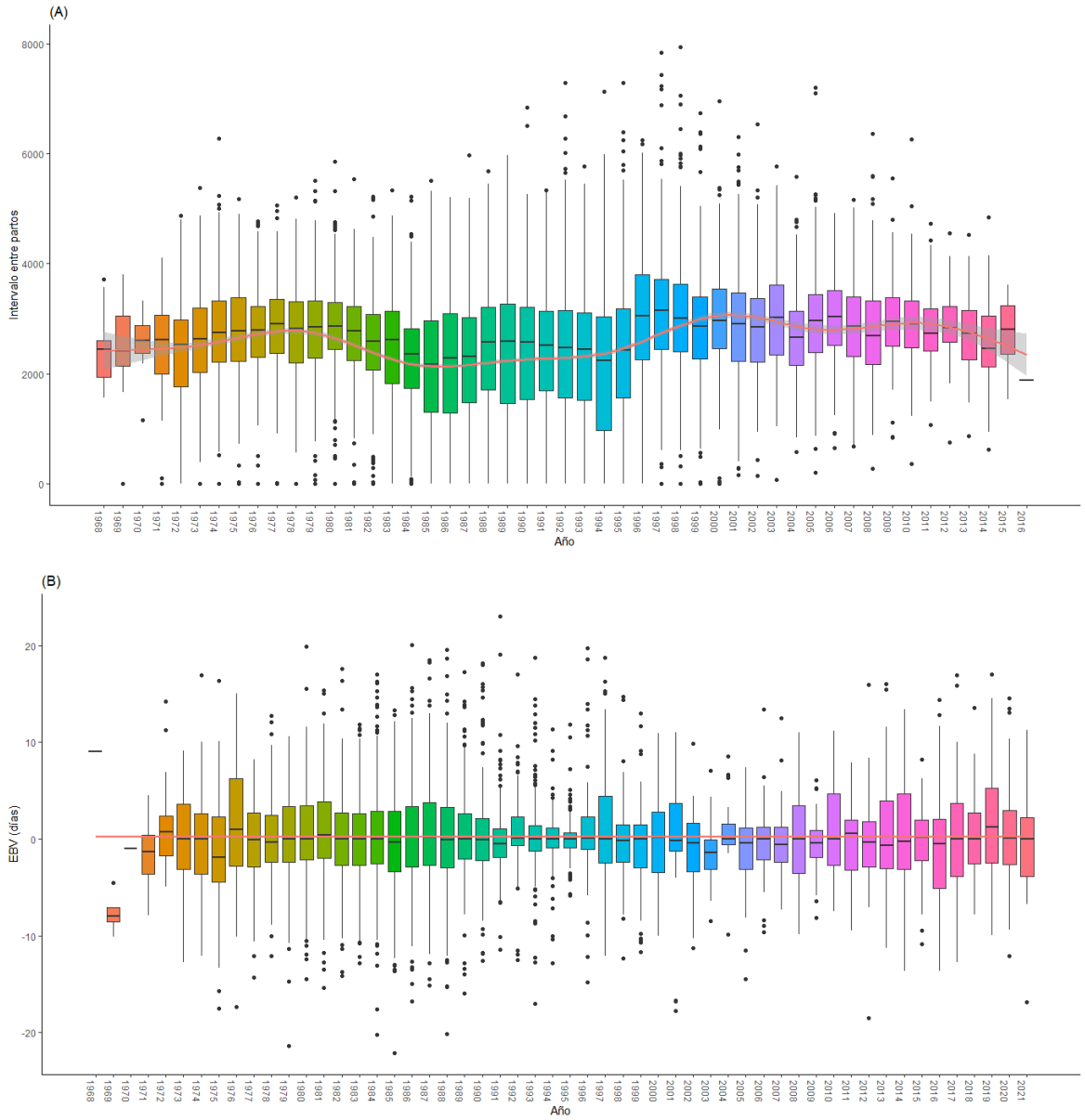
Figura 1-1: Tendencia fenotípica (A) y genética (B) de Producción total de leche en el ganado.



EBV= Valor de cría estimado

Para IEP las tendencias tienen un comportamiento similar a las de PTL, (**Fig. 1-2A**), la tendencia fenotípica presenta oscilaciones y no se evidencia un progreso genético durante el tiempo evaluado. De la misma manera la tendencia genética (**Fig. 1-2B**), se representa con una línea horizontal cercana a cero y su coeficiente de determinación es bajo (R^2=0.005), lo que indica que no hay una presión de selección importante, ni progreso genético para este carácter en el tiempo.

Figura 1-2: Tendencia fenotípica (A) y genética (B) de Intervalo entre partos del ganado.



EBV= Valor de cría estimado

1.5 Discusión

El promedio de Producción total de leche fue de 2844.93±6.23 litros con una desviación estándar de 734.50 litros, valor mayor al reportado por (López Martínez et al., 2019) donde evaluaron producción de leche a los 305 días de lactancia para bovinos Lucerna, obteniendo un valor de 2223.26±522.42 kg. Aunque la diferencia se debe a que en el presente trabajo se usaron las lactancias de diferente número de parto, por lo que se espera que en promedio sea mayor, porque se incluyen animales maduros fisiológicamente, también porque los datos utilizados son datos con producciones de diferentes años bajo diferentes condiciones. El valor de PTL de este trabajo fue también mayor al reportado por Restrepo Jiménez (2014), quien evaluó producción de leche en la primera lactancia ajustada a los 305 días en los mismos hatos, obteniendo un valor de 2425±0.51. La Federación Colombiana de Ganaderos (FEDEGAN), (2007), indica que los valores de productividad de leche en ganado Lucerna puede ser mayor a 3000 litros, lo cual concuerda con la media y desviación estándar obtenidos en este trabajo, donde el 40.12% de los animales superan los 3000 litros en trópico bajo.

Al comparar la producción de leche del ganado Lucerna con la raza Gyr, que se considera una de las razas de mayor potencial lechero en el trópico bajo del país, con producciones medias ajustadas a 305 días de 3489.86 kg (Ferro et al., 2022), se puede observar que son producciones superiores a las reportadas en ganado Lucerna de este trabajo. Sin embargo, es crucial considerar que los valores de producción pueden variar significativamente según la genética de los animales y las condiciones específicas de manejo y alimentación. También es interesante notar que los valores de producción de los bovinos Lucerna son menores que los reportados en la raza Holstein, que alcanza una producción de 5524 litros en el trópico alto de Antioquia con alta suplementación. Esto resalta la importancia de la raza en la producción lechera y cómo las condiciones del entorno pueden influir en el rendimiento de las distintas razas. (Federación Colombiana de Ganaderos [FEDEGAN], 2014; Rincón et al., 2015). Un estudio previo que valoró el desempeño productivo lechero de vacas F1 Gyr x Holstein en el Valle del Cauca reportó un promedio de producción de leche de 3306±922 kg (Motta Delgado et al., 2012), A pesar de que este promedio es mayor que el observado en la raza Lucerna en este estudio, es esencial tener en cuenta que la desviación estándar obtenida para la producción de Lucerna (SD = 734.50) permite ubicar la producción de leche en Lucerna dentro del rango

del F1 Gyr x Holstein. Esto indica que el ganado Lucerna, a pesar de las diferencias en tamaño y requerimientos nutricionales asociados, demuestra un notable potencial para la producción lechera en el trópico bajo. Esta variabilidad resalta la importancia de considerar factores genéticos y ambientales en la producción de leche en diferentes razas y cruzamientos.

El valor del IEP 392.53 con un error estándar de 0.57 días encontrado en el presente estudio, que equivale a 12.90 meses, se compara favorablemente con investigaciones anteriores realizadas en ganado Lucerna en condiciones de trópico bajo. Restrepo Jiménez, (2014), reportó un valor de 12.84±1.65 meses para primer intervalo entre partos en ganado Lucerna. Un estudio en vacas mestizas con predominio *Bos indicus* en Arauca, informó un valor de IEP mucho más alto, alcanzando 608.0±165.4 días (Arcesio Salamanca et al., 2017). Esto resalta cómo factores genéticos y ambientales pueden influir en la duración del IEP en el ganado. Además, en comparación con otras razas criollas del país, nuestros resultados indican que el ganado Lucerna presenta un IEP más corto en promedio. Por ejemplo, en ganado Blanco orejinegro se reportó un IEP de 469±112.18 días (S. L. Caivio-Nasner et al., 2021), valor superior comparado con los resultados del presente estudio y en la raza Romosinuano, la media reportada fue menor que en Lucerna con un valor de 379.74±47.74 días (Ossa et al., 2021).

Los resultados de IEP en el estudio realizado indican un buen desempeño reproductivo en el ganado Lucerna, con una proporción de animales (44%) que cumplen con el ideal de tener un parto por año (IEP=365). Cabe destacar que, en el análisis, se tuvo en cuenta la eliminación de datos fisiológicamente anormales o que se sospechaba su veracidad. Para identificar los datos extremos, se consideró valores que superaran 3 desviaciones estándar respecto a la media. Además, se consideró los resultados de la practica productiva manifestada por los productores. Sin embargo, la depuración de datos no afectó significativamente la media y los datos eliminados fueron menos del 5% en las variables. Estos resultados resaltan el potencial reproductivo de la raza Lucerna en el trópico bajo, a pesar de los desafíos ambientales que influyen en la variación de la característica.

La heredabilidad para PTL fue de 0.14±0.02, lo cual indica la contribución de la genética aditiva en la variabilidad de este rasgo. Por otro lado, la repetibilidad con un valor de

0.31±0.01, refleja la importancia del efecto del ambiente permanente en la variación de este rasgo. La heredabilidad de este estudio es baja comparada con las encontradas en la literatura, donde se reportan valores de 0.23±0.03 para la producción de leche ajustada a los 305 días de la raza Lucerna en condiciones de trópico bajo (Restrepo Jiménez, 2014), y la heredabilidad reportada en un estudio también en Lucerna para producción de leche a los 305 días de lactancia que fue de 0.23 (López Martínez et al., 2019). Ambos estudios reportaron valores idénticos de heredabilidad en la raza Lucerna. Sin embargo, existen diferencias significativas que podrían influir en los resultados, como el tamaño de la muestra, los modelos estadísticos distintos y las variables específicas evaluadas en cada estudio.

En sistemas doble propósito del trópico reportan valores de 0.35±0.06 para la heredabilidad y de 0.41±0.01 para la repetibilidad (Galeano & Manrique, 2010). En el sistema de doble propósito en el trópico, es posible que se apliquen prácticas de manejo y alimentación diferentes, diseñadas para satisfacer las necesidades de un sistema de producción que combina carne y leche. Esto podría influir en la variabilidad de la producción de leche y otros rasgos evaluados, lo que a su vez podría afectar la heredabilidad y repetibilidad. Además, las prácticas de cría y reproducción en el sistema de doble propósito podrían diferir en términos de selección y apareamiento, lo que también podría tener un impacto en la variabilidad genética y, por lo tanto, en los resultados de heredabilidad y repetibilidad. En este estudio, se evaluaron animales en un contexto específico con sus propias prácticas de manejo y alimentación. Estas prácticas podrían ser diferentes de las utilizadas en el sistema de doble propósito comparado ya que ellos tomaron la información de 15 fincas ubicadas en tres departamentos. Por lo tanto, las diferencias en heredabilidad y repetibilidad entre los dos sistemas podrían atribuirse a estas variaciones en el manejo y las prácticas específicas en cada contexto.

Un estudio realizado en Antioquia reporta valores similares al de este estudio en ganado especializado Holstein y Jersey para producción de leche donde las heredabilidades y repetibilidades obtenidas fueron 0.16±0.08 y 0.30±0.08 para Holstein, 0.15±0.30 y 0.32±0.30 para ganado Jersey (Rincón et al., 2015), las repetibilidades evidencian el efecto importante del ambiente permanente en el ganado Lucerna, al igual que el reporte anterior en Holstein y Jersey. Es posible que el componente genético de Holstein en Lucerna sea un factor importante en la similitud de los resultados de estas dos razas, al igual de que

ambos estudios fueron realizados en el trópico colombiano. Otro estudio reciente en ganado Holstein con vacas multíparas informó una heredabilidad de 0.26 y repetibilidad de 0.42 para la producción de leche de 305 días (Atashi et al., 2020), resaltando la alta heredabilidad y repetibilidad de esta característica en ganado Holstein.

Para IEP la heredabilidad fue de 0.03±0.01, muy baja (h2<5%), la repetibilidad fue de 0.08±0.01, lo cual significa que aproximadamente el 3% de la varianza fenotípica puede ser explicada por el componente genético aditivo y el restante por el ambiente y el componente no aditivo. Al realizar la comparación con otros estudios, se ha reportado una heredabilidad similar para la característica primer intervalo entre partos en bovinos Lucerna de (0.05±0.03), donde se resalta que este es un carácter que responde poco en los programas de selección y que los animales que son criados en un entorno de trópico bajo, el cual presenta condiciones ambientales desafiantes, se limita la expresión genética de la característica (Restrepo Jiménez, 2014). Esto sugiere que estas características responden poco a la selección genética directa y que los factores no genéticos desempeñan un papel predominante. En razas criollas se han reportado valores como 0.0001±0.002 en ganado Romosinuano (Ossa Saraz et al., 2021). Estos resultados respaldan la idea de que el IEP es una característica que es altamente influenciada por factores ambientales y no aditivos, lo que limita su capacidad de respuesta a la selección. Valor superior al reportado en este trabajo se refleja en otros estudios, 0.09±0.08 en vacas Sanmartineras (Martínez-Villate et al., 2009), 0.13±0.03 en ganado Blanco Orejinegro (Rocha et al., 2012), valores ligeramente superiores a los reportados en este trabajo. Es importante destacar que los valores de heredabilidad y repetibilidad pueden variar según la raza, el sistema de producción y las condiciones específicas de cada estudio. Por ejemplo, en sistemas de doble propósito del trópico bajo, se han reportado valores de heredabilidad de 0.04±0.06 y repetibilidad 0.08±0.01 (Galeano & Manrique, 2010). En ganado especializado como Holstein se reportó heredabilidad de 0.09±0.04 y repetibilidad de 0.10±0.04, para ganado Jersey heredabilidad de 0.07±0.10 y repetibilidad de 0.07±0.12 (Zambrano et al., 2014), aunque son valores bajos para la característica, son un poco superiores a los de este estudio en el ganado Lucerna. Además, es importante notar que el error estándar de la heredabilidad en las características evaluadas en este estudio fue baja, debido principalmente al tamaño de muestra y a la confiabilidad de los registros, en algunos estudios los errores estándar fueron un poco mayores a los de este trabajo.

En general, se puede observar que independientemente de la raza, la heredabilidad de esta característica es baja. Esto indica una alta influencia del ambiente, lo que sugiere que el progreso genético para esta característica será lento. Estos resultados están en línea con el estudio de (Zambrano et al., 2014) donde se refiere a las características reproductivas y destaca su baja heredabilidad. A la luz de esta baja heredabilidad, surge la pregunta de cómo abordar adecuadamente estas características en la crianza de ganado.

Una estrategia clave para enfrentar características con baja heredabilidad implica la optimización de factores ambientales. Dado que la variabilidad en estas características está fuertemente influenciada por el ambiente, mejorar aspectos como la nutrición, el manejo, la salud y el entorno en el que se crían los animales se convierte en una prioridad. La gestión adecuada de estos factores puede ayudar a maximizar el rendimiento en características de baja heredabilidad. Además, la selección y el uso de herramientas como la genómica pueden generar pequeños efectos, pero acumulativos con el tiempo. Esta combinación de optimización ambiental y herramientas genómicas se convierte en un enfoque efectivo para abordar las características de baja heredabilidad en la crianza de ganado.

La correlación fenotípica para las características PTL e IEP fue de 0.32±0.02. Esta correlación positiva sugiere que, en el grupo de animales de estudio, las vacas con una mayor PTL tienden a tener IEP más largos. a comparación de otros estudios como en el caso de Restrepo Jiménez, (2014) que obtuvo una correlación fenotípica de 0.13 entre la producción de leche a los 305 días y el primer intervalo entre partos en Lucerna, y Zambrano et al., (2014), que reportaron unas correlaciones fenotípicas menores, con un valor de 0.1 en las razas Holstein y Jersey.

La correlación fenotípica positiva media observada entre las características PTL e IEP en el grupo de animales de estudio podría ser explicada desde la perspectiva de la fisiología reproductiva y la fisiología de la lactancia. En el contexto de la ganadería, se sabe que la duración del IEP está relacionado con la recuperación y preparación del sistema reproductivo de las vacas después del parto anterior. Las vacas con una mayor producción

de leche a menudo requieren más tiempo para recuperarse completamente y estar en condiciones óptimas para concebir nuevamente.

En consecuencia, las vacas que presentan una mayor producción de leche pueden experimentar IEP más largos, ya que su cuerpo necesita un período adicional para recuperarse antes de entrar en un nuevo ciclo reproductivo. Esta correlación fenotípica positiva puede deberse a la mayor demanda energética y nutricional de las vacas lecheras, lo que influye en la duración del IEP. Además se observa que la correlación fenotípica indica que posiblemente estas características por algún otro efecto ambiental o efectos genéticos no aditivos.

Por otra parte, la correlación genética entre las variables PTL e IEP fue de -0.05±0.00, valor muy diferente al reportado en la literatura, Restrepo Jiménez, (2014) observó en la raza Lucerna una correlación genética entre la producción de leche a los 305 días y el primer intervalo entre partos de 0.48 positiva. Galeano & Manrique, (2010) también estimaron una correlación positiva y alta de 0.53 ± 0.02, en sistemas doble propósito en el trópico colombiano señalando que las hembras con mayor producción de leche tienen intervalos entre partos más prolongados.

La correlación genética en este estudio cercana a cero indica que la magnitud de la relación entre ambas características es prácticamente nula, lo que significa que las variaciones en una característica tienen un impacto muy limitado en la otra. Es decir, si se intenta mejorar una de estas características, como la PTL, no se espera que cause un cambio significativo en el IEP. Las dos características tienen una baja dependencia genética, por lo que es poco probable que existan genes pleiotrópicos para ellas.

Finalmente, la tendencia fenotípica para la característica PTL presenta oscilaciones de la línea de tendencia media. Es decir, el comportamiento promedio de la característica a lo largo del tiempo evaluado en este estudio a partir de una regresión lineal. Durante el análisis de los datos, se observó que la PTL no siguió una tendencia lineal constante de aumento o disminución a lo largo de los años, sino que experimentó fluctuaciones en su valor promedio, evidenciando poco progreso fenotípico para la PTL durante el tiempo evaluado. Por otra parte, la tendencia genética fue más o menos constante, con pendiente

cercana a cero y un coeficiente de determinación que no alcanza a explicar ni el 1% de la variación de la característica (R2=0.001). Esto significa que la tendencia genética en la PTL no mostró un cambio significativo a lo largo del tiempo y que el coeficiente de determinación es extremadamente bajo. Este hallazgo sugiere que, a pesar de las observaciones fenotípicas realizadas en la población de ganado Lucerna, la selección basada en estas observaciones no ha tenido un efecto significativo en el progreso genético de la PTL.

Existen pocos estudios sobre tendencias en el carácter producción de leche. El resultado de este estudio difiere al realizado por López Martínez et al., (2019) en la producción de leche a los 305 días de lactancia en vacas Lucerna, donde el incremento fenotípico medio fue de 21.30 kg/año (R^2=0.43), aunque el progreso genético de 0.50 kg/año (R^2 =0.07) fue más parecido al reportado en este trabajo. Lo anterior quiere decir que el progreso fenotípico se atribuyó principalmente a factores ambientales y no a los factores genéticos aditivos. Otro estudio realizado en Perú en vacas Holstein obtuvo tendencia fenotípica con un incremento de 294.3 kg/año de leche con un (R^2 =0.89) y una tendencia genética negativa de -2.4 kg/año (Hidalgo Vásquez et al., 2021), lo cual muestra la gran variabilidad que puede existir en estos estimadores y como la selección fenotípica puede no verse reflejada en la genética, sobre todo en características de media a baja heredabilidad.

La tendencia fenotípica de IEP, al igual que la de PTL, presenta oscilaciones y no se evidencia una fuerte presión de selección sobre este carácter a lo largo de los años. La tendencia genética para IEP no fue significativa (valor $p > 0.05$), lo que indica que no es claro el comportamiento del IEP a través de los años, la pendiente es constante en todo el periodo de evaluación y su coeficiente de determinación es bajo (R^2 =0.005).

Los valores obtenidos en el presente trabajo fueron inferiores a los reportados por Caivio-Nasner et al., (2021), en ganado Blanco Orejinegro (BON), donde la tendencia fenotípica fue positiva con un incremento de 0.306 días/año y la genética fue negativa con progreso genético de -0.0132 días/año. Además, también señalaron que la mayor proporción de la variabilidad fenotípica estaba dada por cambios ambientales a lo largo de los años. Finalmente, otro estudio en ganado cruzado en Colombia reportó tendencias genéticas en primer, segundo y tercer intervalo entre partos que no fueron significativas y cercanas a cero, similar al reportado en este trabajo, ellos sugirieron que no hubo progreso genético

para las características evaluadas (Vergara et al., 2016). Es relevante destacar que este estudio de Lucerna abarca una gama más amplia de intervalos, lo que proporciona una visión más completa de la eficiencia reproductiva a lo largo del tiempo y a lo largo de varias lactancias.

Por lo anterior, considerando el buen desempeño productivo y reproductivo del ganado Lucerna, la heredabilidad de PTL y las correlaciones genéticas entre PTL e IEP, se recomienda establecer un programa de selección a través de los años, para aumentar el valor genético de estas características, que por su baja heredabilidad requieren de varias generaciones para ver sus efectos. Seleccionar por formato de la curva de lactancia para seleccionar animales que no piquen mucho, pero sean persistentes, que de esa manera no se desgaten tanto y tengan mejores condiciones para abordar un nuevo parto. Además, se deben explorar estrategias como el mejoramiento del manejo y alimentación, el uso de tecnologías genómicas que pueden acelerar la identificación de animales con potencial genético superior, la selección de características correlacionadas que puedan estar más influenciadas por factores genéticos y que, a su vez, tengan un efecto positivo en las características de baja heredabilidad y programas de cruzamiento selectivo combinando las fortalezas genéticas de diferentes razas para mejorar las características deseadas, esta estrategia es utilizada por los productores de la raza Lucerna. Sin embargo, mantienen su núcleo puro. Combinar un programa de selección a largo plazo con estas estrategias puede maximizar la respuesta a la selección y acelerar el progreso genético en el ganado Lucerna.

1.6 Referencias

Acuña, J., Domínguez, A., & Toro, E. (2012). Una comparación entre métodos estadísticos clásicos y técnicas metaheurísticas en el modelamiento estadístico. Scientia et Technica, 68–77.

Arcesio Salamanca, C., Mauricio Vélez, T., & Jannet Bentez, M. (2017). Non-genetpic effects on reproduction in crossbreed cows with Bos indicus redominance in the municipality of Arauca, Colombia. Revista de Investigaciones Veterinarias Del Peru, 28(1), 101–109. https://doi.org/10.15381/rivep.v28i1.11749

Atashi, H., Salavati, M., De Koster, J., Ehrlich, J., Crowe, M., Opsomer, G., Hostens, M., McLoughlin, N., Fahey, A., Matthews, E., Santoro, A., Byrne, C., Rudd, P., O'Flaherty, R., Hallinan, S., Wathes, C., Cheng, Z., Fouladi, A., Pollott, G., … Marchitelli, C. (2020). Genome-wide association for milk production and lactation curve parameters in Holstein dairy cows. Journal of Animal Breeding and Genetics, 137(3), 292–304. https://doi.org/10.1111/jbg.12442

Berry, D. P., Friggens, N. C., Lucy, M., & Roche, J. R. (2016). Milk production and fertility in cattle. Annual Review of Animal Biosciences, 4, 269–290. https://doi.org/10.1146/annurev-animal-021815-111406

Caivio-Nasner, S. L., López-Herrera, A., González-Herrera, L. G., & Flórez, J. C. R. (2021). Genetic parameters and trends for reproductive traits in Blanco Orejinegro cattle from Colombia. Semina:Ciencias Agrarias, 42(4), 2523–2537. https://doi.org/10.5433/1679-0359.2021v42n4p2523

Dominguez-Castaño, P., Vargas de Oliveira, M. H., El Faro, L., & de Vasconcelos Silva, J. A. (2020). Relationship between reproductive and productive traits in Holstein cattle using multivariate analysis. Reproduction in Domestic Animals, 55(7), 770–776. https://doi.org/10.1111/rda.13679

Durán, C. (1970). Breve historia de la formación de la raza de ganado Lucerna. Agricultura Tropical.

Durán, C., & Manrique, L. (1999). Potencial genético y productivo de la raza bovina de doble propósito Lucerna. 104–117.

Elzo, M., & Vergara, O. (2012). Modelos animales con efectos maternos, de ambiente común y de dominancia. In Modelación aplicada a las ciencias animales: II. Evaluaciones genéticas (Vol. 2, p. 136).

Federación Colombiana de Ganaderos [FEDEGAN]. (2007). Ganadería Colombiana Las Razas.

Federación Colombiana de Ganaderos [FEDEGAN]. (2014). Raza gyr: ideal para la producción de leche en climas cálidos | Fedegán. https://www.fedegan.org.co/noticias/raza-gyr-ideal-para-la-produccion-de-leche-en-climas-calidos

Ferro, D., Gil, J., Jiménez, A., Manrique, C., & Martínez, C. A. (2022). Estimation of lactation curves of Gyr cattle and some associated production parameters in the Colombian low tropic. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, 35(1), 3–13. https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v35n1a01

Galeano, A., & Manrique, C. (2010). Estimación de parámetros genéticos para características productivas y reproductivas en los sistemas doble propósito del trópico bajo colombiano. Rev. Med. Vet. Zoot.

Gatica, C. (2020). Índice de Selección EBI: ¿Qué Mejorar y Cómo Mejorar a través de la Genética de Nuestro Rebaño? Agrocolun. https://agrocolun.cl/indice-de-seleccion-ebi-que-mejorar-y-como-mejorar-a-traves-de-la-genetica-de-nuestro-rebano/

Hidalgo Vásquez, Y. N., García Salas, M. E. C., Gutiérrez Reynoso, G. A., & Chagray Ameri, N. H. (2021). Genetic and phenotypic trend of milk production: The case of a commercial herd in the Huaura Valley, Peru. Ciencia Tecnologia Agropecuaria, 22(1). https://doi.org/10.21930/RCTA.VOL22_NUM1_ART:1892

López Martínez, J. L., Quijano Bernal, J. H., & González Herrera, L. G. (2019). Estimation of genetics parameters for test day and 305 day milk yield in first lactations of Lucerna cows. Livestock Research for Rural Development . http://www.lrrd.org/lrrd31/11/luggo31179.html

Martínez-Villate, G. C., Martínez-Correal, G., & Manrique-Perdomo, C. (2009). Genetic parameter estimates of age at first calving and calving interval of Creole Sanmartinero (SM) cows. Red de Revistas Científicas de América Latina El Caribe, España y Portugal, 113–125.

Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A., & Vitezica, Z. (2015). Manual for BLUPF90 family of programs.

Motta Delgado, P. A., Rivera Calderón, L. G., Mariño Aldana, A., & Lizcano Penagos, C. E. (2012). Desempeño productivo y reproductivo de vacas F1 Gyr x Holstein en clima cálido colombiano Productive and reproductive performance of F1 Gyr x Holstein cows in Colombian warm climate.

Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO]. (2018). Breed data sheet | Lucerna / Colombia (Cattle) | Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS) | Food and Agriculture Organization of the United Nations. https://www.fao.org/dad-is/browse-by-country-and-species/en/

Ossa, G., López, J., Bernal, J., Santana, M., & Garcés, J. (2021). Retrospective analysis of reproductive traits in Colombian Romosinuano creole bovine females. Ciencia Tecnologia Agropecuaria, 22(1), 1–15. https://doi.org/10.21930/RCTA.VOL22_NUM1_ART:1804

Ossa Saraz, G. A., Lòpez Martínez, J. L., Hernández Barajas, F., Santana Rodríguez, M. O., & Garcés Blanquiceth, J. L. (2021). Estimation of calving interval heritability in Romosinuano cattle using a generalized linear mixed model. Ciencia Tecnologia Agropecuaria, 22(2). https://doi.org/10.21930/RCTA.VOL22_NUM2_ART:1861

Piñeira, J., Riveros, J., & Felmer, R. (2009). Herramientas de última generación para mejoramiento genético animal y selección de reproductores.

R Core Team. (2023). R: A language and environment for etatistical computing. https://www.r-project.org/

Restrepo Jiménez, A. N. (2014). Estimación de parámetros genéticos para la stayability y su asociación con otras características de interés económico en la raza colombiana Lucerna [Universidad Tecnológica de Pereira]. https://repositorio.utp.edu.co/handle/11059/4678

Rincón, J., Zambrano, J., & Echeverri, J. (2015). Estimation of genetic and phenotypic parameters for production traits in Holstein and Jersey from Colombia. Rev. MVZ Córdoba, 4962–4973.

Rocha, J., Gallego, J., Vásquez, R., Pedraza, J., Echeverri, J., Cerón, M., & Martínez, R. (2012). Estimation of genetic parameters for age at ® rst calving and calving interval in Blanco Orejinegro (BON) breed cattle populations in Colombia. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, 220–228.

Taye, M., Yoon, J., Dessie, T., Cho, S., Oh, S. J., Lee, H. K., & Kim, H. (2018). Deciphering signature of selection affecting beef quality traits in Angus cattle. Genes and Genomics, 40(1), 63–75. https://doi.org/10.1007/s13258-017-0610-z

Vergara, O. G., Cardona, R. R., Valencia, D. H., Almanza, R. L., & Rugeles, C. P. (2016). Heredabilidades y tendencias genéticas para características reproductivas en una población de ganado cruzado. Rev Colombiana Cienc Anim, 8(1), 44–50. http://www.recia.edu.co

Zambrano, J. C., Rincón, J. C., & Echeverry, J. J. (2014). Parámetros genéticos para caracteres productivos y reproductivos en Holstein y Jersey Colombiano. In Arch. Zootec (Vol. 63, Issue 243).

2. Diversidad, composición y relaciones genéticas del ganado Hartón del Valle y Lucerna de Colombia

Diversity, composition and genetic relationships in Hartón del Valle and Lucerna cattle from Colombia

2.1 Resumen

El ganado Hartón del Valle (HV) es una raza localmente adaptada en Colombia, descendiente de los bovinos traídos por los españoles a América durante la conquista, con más de 500 años de adaptación a las condiciones tropicales del suroccidente colombiano. Lucerna (LUC) es una raza sintética colombiana, compuesta por las razas Holstein, Shorthorn y Hartón del Valle (40:30:30). Fue declarada oficialmente como raza colombiana en 1.983. Las dos razas han sido poco estudiadas. El objetivo de este trabajo fue analizar los patrones de diversidad genética, la ancestría y mezcla de ambas razas. Para esto, se utilizó la información de las ganaderías (Reserva Natural el Hatico y hacienda Lucerna) de Lucerna y la población de HV de la Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. Se recopiló información genealógica de 9.526 individuos Lucerna y 64 HV. Se extrajo ADN de sangre o semen de 94 animales Lucerna y 10 HV. El genotipado se realizó con el chip GGP-Bovine 100K. Se utilizó control de calidad (MAF<0.05, Call rate<0.05 por SNP e individuo) para la estimación de la frecuencia del alelo menor (MAF) y el LD. Se realizó la depuración por LD (r2<0.2), se estimaron fragmentos de ROH, Ne, la heterocigosidad y el Fis. Se realizó el análisis de PCA y estructuración poblacional por Fst. Se construyó el árbol filogenético usando la matriz de Nei. Finalmente, se realizó un análisis mediante Admixture (K=2 a 12) y Treemix entre las razas, utilizando información adicional (50K) de las razas Brahman, Gyr, Holstein, Shorthorn, Negra andaluza y Romosinuano. El MAF

promedio de Lucerna fue 0.31 y HV 0.28. La heterocigosidad observada y esperada fue mayor en LUC que en HV. Se obtuvo un total de 242 fragmentos homocigóticos para HV y 2670 para Lucerna, con endogamia por ROH de 8.43±1.94 para HV y 7.00±0.37 para Lucerna con mayor contribución de endogamia reciente para ambas razas. La estructuración poblacional y PCA muestran separación de la población Lucerna de HV, estando HV más cerca de Romosinuano y los bovinos ibéricos. El análisis mediante Admixture reveló la presencia entre 7 y 8 poblaciones distintas, lo que coincide con la cantidad de razas utilizadas en el caso de las 8 poblaciones. El análisis de Treemix mostró una clara separación genética entre HV y LUC, sin evidencia de migración genética de otras razas en ninguna de las dos. Finalmente, se encontró menor diversidad en la población HV muestreada, respecto a Lucerna, lo que concuerda con los reportes de la FAO que establecen que la raza Lucerna está fuera de riesgo.

Palabras clave: Ancestría genética, bovinos criollos, recursos zoogenéticos, variabilidad genética.

2.1.1 Abstract

The Hartón del Valle (HV) cattle is a locally adapted breed in Colombia, descendant of the bovines brought by the Spanish to America during the conquest, with more than 500 years of adaptation to the tropical conditions of southwestern Colombia. Lucerna (LUC) is a Colombian synthetic breed, made up of the Holstein, Shorthorn and Hartón del Valle breeds (40:30:30). It was officially declared as a Colombian breed in 1983. The two races have been little studied. The objective of this work was to analyze the patterns of genetic diversity, ancestry and mixing of both breeds. For this, the information of the cattle ranches (El Hatico Natural Reserve and Lucerna ranch) of Lucerna and the HV population of the National University of Colombia, Palmira campus, were used. Genealogical information was collected from 9,526 Lucerna individuals and 64 HV. DNA was extracted from blood or semen of 94 Lucerna animals and 10 HV. Genotyping was performed with the GGP-Bovine 100K chip. Quality control (MAF<0.05, Call rate<0.05 per SNP and individual) was used for the estimation of the minor allele frequency (MAF) and the LD. Purification was performed by LD (r2<0.2), ROH fragments, Ne, heterozygosity and Fis were estimated. PCA analysis and population structuring by Fst were performed. The phylogenetic tree was constructed

using the Nei matrix. Finally, an analysis was carried out using Admixture (K=2 to 12) and Treemix between the breeds, using additional information (50K) from the Brahman, Gyr, Holstein, Shorthorn, Black Andalusian and Romosinuano breeds. Lucerne's average MAF was 0.31 and HV 0.28. The observed and expected heterozygosity was higher in LUC than in HV. A total of 242 homozygous fragments for HV and 2670 for Lucerna were obtained, with inbreeding by ROH of 8.43±1.94 for HV and 7.00±0.37 for Lucerna with a greater contribution from recent inbreeding for both breeds. The population structure and PCA show separation of the Lucerna population from HV, being HV closer to Romosinuano and the Iberian bovines. The analysis using Admixture revealed the presence of between 7 and 8 different populations, which coincides with the number of races used in the case of the 8 populations. Treemix analysis showed a clear genetic separation between HV and LUC, with no evidence of genetic migration from other races in either. Finally, less diversity was found in the sampled HV population, compared to Lucerna, which agrees with the FAO reports that establish that the Lucerna breed is out of risk.

Key words: Genetic ancestry, creole cattle, animal genetic resources, genetic variability

2.2 Introducción

Las razas bovinas criollas son un recurso genético muy importante porque constituyen un reservorio de variabilidad genética con potencial de adaptación a diferentes condiciones ambientales, lo que les permite resistir enfermedades y desarrollar habilidades específicas para aprovechar los recursos disponibles en su entorno, por lo tanto, representan un recurso de gran valor, para hacer frente a los desafíos del cambio climático en el futuro (Martínez Correal, 2010). La caracterización de estas razas permite apreciar sus atributos en los sistemas productivos del trópico bajo, lo que incentiva el desarrollo de programas de conservación y multiplicación (Moreno et al., 2001).

En Colombia existen varias razas de Bovinos Criollos localmente adaptados a diferentes regiones del país. En el Valle del Cauca se encuentra la raza Hartón del Valle, raza que se origina del ganado introducido por el sur del país en la época de la conquista, sufrió procesos de cruzamiento y selección para desarrollar características únicas que le permitiera adaptarse a las condiciones tropicales y fortalecer su rendimiento productivo en

los agroecosistemas del Valle del Cauca. Posteriormente, en el Valle del Cauca se forma la raza Lucerna, que es una raza sintética compuesta por el cruzamiento de razas Holstein 40%, Shorthorn 30% y Hartón del Valle 30%, creada como alternativa para la producción de leche en el trópico seco (Federación Colombiana de Ganaderos [FEDEGAN], 2007). La raza Lucerna lleva 86 años establecida en el territorio, pero en el proceso de endocría no se conoce exactamente qué proporción racial de genes quedaron fijados en la población a través de las generaciones y si ya se puede considerar como raza por los hallazgos genéticos. Sin embargo, ya ha sido reconocida como raza colombiana por la FAO, (2023b). A pesar de las cualidades que presentan estas dos razas que contribuyen a la seguridad alimentaria del país, se conoce poco sobre la diversidad, historia genética, estructura poblacional y muchos más componentes para su multiplicación y uso eficiente.

En las últimas décadas, la ganadería ha experimentado avances significativos en el campo de la genética. La búsqueda constante de mejorar la productividad, la eficiencia y la adaptabilidad de las razas bovinas ha llevado al desarrollo de nuevas herramientas y tecnologías que permiten un análisis más profundo del material genético de los animales. Estos avances tienen un gran potencial para la mejora genética y la conservación de las características adaptativas propias de las razas ganaderas, como es el caso del ganado criollo. (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO], 2015). En este contexto, la genómica se presenta como una herramienta innovadora y prometedora para el ganado criollo, al aprovechar la información genética contenida en el genoma de estos animales, es posible realizar estimaciones precisas de la diversidad, mezcla, y ancestría. Esta herramienta permite a los ganaderos comprender en profundidad la composición genética de las poblaciones de ganado criollo, identificar rasgos deseables y conservar las características adaptativas únicas de estas razas. La genómica también facilita la toma de decisiones informadas en los programas de mejora genética, lo que contribuye a la selección de animales con un mayor potencial genético, aumentando así la eficiencia y sostenibilidad de la producción ganadera (Nayeri et al., 2016).

Adicionalmente, la información genómica ofrece una alternativa para el estudio de la diversidad, lo que permite obtener una visión detallada de las variaciones genéticas y las diferencias en el ADN entre individuos y poblaciones. En la actualidad, existen diferentes plataformas y tecnologías para este estudio, los SNPs (Polimorfismos de Nucleótido Único), microsatélites, secuenciación de nueva generación (NGS), entre otros. Los SNPs

son uno de los marcadores genéticos más utilizados debido a su abundancia en el genoma y su capacidad para proporcionar información detallada sobre las relaciones entre individuos o grupos poblacionales, los orígenes, migración, historia evolutiva y las relaciones de parentesco. Sin embargo, la elección de los marcadores genéticos depende de los objetivos de cada estudio y de las tecnologías disponibles. (Eguiarte et al., 2013).

El objetivo del presente estudio fue investigar la diversidad genética, estructura poblacional, ancestría y relaciones genéticas en el ganado Hartón del Valle y el ganado Lucerna de Colombia, y posteriormente comparar estos hallazgos para comprender las diferencias y similitudes en la genética con otras razas.

2.3 Materiales y métodos

2.3.1 Animales y extracción de ADN

Para este estudio se consideraron un total de 104 animales, de los cuales 94 individuos fueron Lucerna (20 machos y 74 hembras) de las ganaderías Reserva Natural el Hatico y hacienda Lucerna, y 10 Hartón del Valle (4 machos, 6 hembras) de la granja Mario González Aranda de la Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira. Se seleccionaron los animales considerando como criterios los valores genéticos contrastantes para PTL y la relación genealógica promedio de los individuos, con el fin de incluir animales con genotipos extremos y de la base de la población, buscando capturar la diversidad genética presente. Se recolectaron muestras de sangre en el caso de animales presentes y semen para toros en uso que ya no se encontraban en el hato. La sangre se recolectó por punción de la vena coccígea mediante agujas de calibre 21, utilizando tubos BD Vacutainer con EDTA como anticoagulante. La extracción de ADN se realizó en el laboratorio de Biología Molecular de la Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira utilizando el kit comercial Canvax de acuerdo con las recomendaciones del fabricante. La integridad y cantidad del ADN extraído se evaluó por electroforesis y espectrofotometría. Finalmente, las muestras de ADN dispuestas en tubos Eppendorf de 100 microlitros cada una, fueron previamente ultracongeladas a -40°C para preservar su integridad. Luego, se procedió a la liofilización en el equipo Labconco™ FreeZone™ -105°C 4.5L Benchtop Freeze Dry Systems, en el laboratorio de Química de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. Durante el proceso, las muestras fueron colocadas cuidadosamente en el liofilizador, asegurando una

distribución uniforme, una vez iniciado el proceso, el liofilizador eliminó el agua de las muestras congeladas a través de sublimación, dejándolas en un estado sólido seco y preservando así el ADN que fue enviado para genotipado al laboratorio de Neogen en Lansing, Michigan, Estados Unidos.

2.3.2 Genotipado

Se genotiparon en total 94 animales Lucerna (LUC) y 10 Hartón del Valle (HV). El genotipado se realizó mediante el chip GGP-Bovine 100K, este chip contiene un panel de 90349 SNPs (polimorfismos de nucleótido simple) por animal. Los genotipos obtenidos se sometieron a una serie de procedimientos de edición. Esto incluyó la eliminación de INDELS y SNPs en los cromosomas mitocondriales y sexuales utilizando el software R versión 4.1.2 (R Core Team, 2023). Luego, se dividieron las bases de datos de Lucerna y Hartón del Valle para el análisis de cada una. Finalmente, se aplicaron una serie de medidas de control de calidad de manera similar a las recomendaciones de flujo de trabajo sugeridas por la FAO, (2023a). con el fin de garantizar la confiabilidad y precisión de los datos. Se mantuvieron marcadores con una frecuencia de alelos menores (MAF) superior a 0.05, una tasa de llamados de genotipo (GENO) superior a 0.05 y ausencia de datos por individuo (MIND) superior a 0.1, para estos pasos de control de calidad se utilizó el programa PLINK v1.90 (Purcell et al., 2007).

2.3.3 Desequilibrio de ligamiento (LD), diversidad y Tamaño efectivo poblacional (Ne)

Inicialmente se determinó el equilibrio de Hardy Weinberg (HWE) para los SNPs a través del software PLINK v1.90 (Purcell et al., 2007), utilizando el comando (--hardy) y se valoró el valor de p corregido por el método de Bonferroni. La frecuencia del alelo menor (MAF) para cada marcador genético de las razas se calculó después de aplicar las ediciones necesarias usando el software PLINK v1.90 (específicamente el comando “--freq”). Se utilizó el software R versión 4.1.2 (R Core Team, 2023), para evaluar el promedio y distribución de los valores de MAF. El análisis del LD se realizó empleando el estadístico r^2 entre pares de SNPs. Este análisis se realizó utilizando el software PLINK v1.90 (ld-window-r2 0) (Purcell et al., 2007), se evaluó a una distancia de 1 Mb y se representó gráficamente respecto a la distancia en pares de bases para observar el decaimiento del

LD utilizando el paquete “ggplot2” (Wickham, 2009) en R versión 4.1.2 (R Core Team, 2023). Además, se estimó el estadístico de r^2 promedio y la distancia media en la que se alcanza un r^2 mayor de 0.3. Posteriormente, se utilizó el software SNeP v1.1 con los ficheros PLINK para estimar el tamaño efectivo de la población (Ne), siguiendo la ecuación propuesta por Corbin et al. (2012), se asumió una conversión de 1 Mb = 1 cM. El análisis se fundamentó en la relación entre la distribución del LD y la tasa de recombinación.

2.3.4 Análisis de los tramos de homocigosidad (ROH) y endogamia

En este caso, se utilizaron las opciones “--homozyg” y “--homozyg-group” del software PLINK v1.90 para identificar los segmentos de ROH en el genoma, mediante un enfoque basado en ventanas deslizantes. Siguiendo el enfoque de Ferenčaković et al., (2013), se consideraron ventanas de 50 SNPs, con una superposición del 5%. Para identificar un segmento como homocigoto, se aplicaron los siguientes criterios: una longitud mínima de 1000 kilobases (kb), una densidad de al menos de 1 SNP por cada 100 kilobases (kb) y un mínimo de 50 SNPs por segmento, no permitiendo marcadores heterocigóticos dentro de ellos. Los segmentos de ROH encontrados se clasificaron en cuatro categorías según sus longitudes: 1-4 Mb, 4-8 Mb, 8-12 Mb y >12 Mb. La estimación del coeficiente de consanguinidad por ROH (FROH) siguió el método propuesto por (Bjelland et al., 2013). Para este cálculo, se utilizó una longitud de genoma de 2,489,385.779 kb, correspondiente al genoma de referencia especificado (ncbi.nlm.nih.gov/assembly/GCA_002263795.2). Se espera que la longitud de las regiones autocigóticas siga una distribución exponencial. La media de esta distribución, denotada como “t”, se calculó mediante la fórmula 1/2g Morgans, como se describe en el trabajo de Howrigan et al., (2011). En el caso de los segmentos autocigóticos mayores de 12 Mb, se estima que indiquen las últimas 4.16 generaciones, a partir de la ecuación propuesta por (Corbin et al., 2012).

Posteriormente, se realizó depuración por LD (Prunning) a las bases de datos de Hartón del Valle y Lucerna a través del comando “--indep-pairwise” del software PLINK v1.90 (Purcell et al., 2007) utilizando los parámetros (50 5 0.2), que indican ventanas de 50 SNPs, deslizando cada 5 SNPs y estableciendo un umbral de r^2 = 0.20 con el fin de mantener marcadores informativos y reducir la sobrerrepresentación de algunas partes del genoma. Una vez realizado el prunning de las bases de datos, a partir de estas se calculó la

heterocigosidad observada y esperada para ambas razas usando el comando “--het” de PLINK v1.90 (Purcell et al., 2007), de acuerdo con la fórmula propuesta por Keller et al., (2011). Además, se estimó el coeficiente de endogamia por medio del Índice de fijación (FIS) a partir de las heterocigosidades (HET) mediante la comparación entre la Heterocigosidad esperada (HE) y la Heterocigosidad observada (HO).

2.3.5 Análisis de estructuración genética, Admixture y Treemix

Además del genotipado de HV y LUC, se incluyó la información de 25 individuos Brahman y 24 Gyr (Matukumalli et al., 2009), 30 Holstein (Gautier et al., 2010), 32 Negra Andaluza (Flori et al., 2019), 8 Romosinuano y 34 Shorthorn (Decker et al., 2014). Estos datos genéticos fueron obtenidos de la base de datos WIDDE (http://widde.toulouse.inra.fr/widde), la información se obtuvo del chip de *Illumina BovineSNP50* v1 para Brahman (BRM), Gyr (GIR) y Holstein (HOL), y v2 para Negra Andaluza (NAN), Romosinuano (ROM) y Shorthorn (SHO). Se utilizó esta información genética adicional con el propósito de identificar la estructura genética, la diversidad y las relaciones de mezcla ancestral. Las razas Hartón del Valle, Holstein y Shorthorn fueron incluidas dentro del análisis para observar el porcentaje de composición dentro de la raza Lucerna; las razas Brahman y Gyr para identificar posibles mezclas de genes debido a su uso masivo reciente en el país; Negra Andaluza ya que es raza autóctona de España y su inclusión está relacionada con la introducción del ganado durante la época de la conquista; y por último, la raza Romosinuano debido a su ascendencia común más reciente como raza criolla colombiana. El análisis se llevó a cabo en tres etapas: primero, comparando la raza Lucerna con Hartón del Valle; segundo, analizando las razas que componen directamente la raza Lucerna, en este caso Hartón del Valle, Holstein y Shorthorn; y tercero, ampliando el análisis con las demás razas para obtener una visión más completa de la composición genética y las relaciones de mezcla ancestral de Lucerna con otras razas bovinas en el análisis de componentes principales (PCA).

Las bases de datos fueron unidas utilizando el software PLINK v1.90 para identificar variantes genéticas comunes. Esto se realizó mediante los comandos “--bmerge” y “--flip”. Después de la unión de las bases de datos en cada una de las etapas, se identificaron

para Lucerna y Hartón del Valle 79885 variantes genéticas comunes, con una tasa de genotipado del 99.40%; para Lucerna, Hartón del Valle, Holstein y Shorthorn 26305 variantes comunes, con una tasa de genotipado del 99.68%; y finalmente, para todas las razas 25074 variantes comunes, con una tasa de genotipado del 99.59%. Esto permitió trabajar con un conjunto de datos genéticos compartidos para realizar análisis posteriores para todas las razas juntas, como el análisis de componentes principales (PCA) utilizando el comando "--pca" en PINK v1.90 (Purcell et al., 2007) para visualizar la estructura genética de las poblaciones estudiadas y examinar las relaciones entre individuos y se estimaron las frecuencias del alelo menor (MAF) para cada raza utilizando el comando "--freq" con la opción "--family". Se incluyó dos tipos de distancias genéticas en el análisis. En primer lugar, se generó una matriz de distancias genómicas (IBS) utilizando el paquete "snpStats" (Solé et al., 2006) en R versión 4.1.2 (R Core Team, 2023). Luego, se calcularon las distancias genéticas de Nei utilizando el paquete "poppr" (Kamvar et al., 2014) también de R versión 4.1.2. La incorporación de ambos tipos de distancias genéticas permitió obtener una perspectiva más completa de la variabilidad genética dentro del estudio. Posteriormente, se construyó el árbol filogenético usando la matriz de distancias de Nei con el paquete "factoextra" (Kassambara & Mundt, 2020) para mostrar las relaciones genéticas entre las razas. La matriz de distancias de Nei se representó por medio de un dendrograma y un mapa de calor utilizando la función "heatmap". De manera simultánea, se utilizaron los ficheros Plink convertidos en ficheros de tipo Arlequín utilizando el programa PGDSpider 2.1. Se definieron las poblaciones según la raza (BRM, GIR, HOL, HV, LUC, NAN, ROM y SHO) para representar cada una de ellas. De acuerdo con lo planteado por Excoffier & Lischer (2010), se calcularon los estadísticos FSTs pareados de Slatkin utilizando el software Arlequín.

Seguidamente, se llevó a cabo un análisis utilizando el método ADMIXTURE (Alexander et al., 2009), para inferir la estructura genética y la composición ancestral de las poblaciones. Este análisis se realizó considerando diferentes escenarios de poblaciones ancestrales, se evaluaron posibles poblaciones ancestrales desde k 2 hasta 12. Se utilizó el paquete Starmie en R, para llevar a cabo el análisis de validación cruzada y seleccionar el número óptimo de poblaciones ancestrales (k) basado en el menor error de validación cruzada, se generaron los gráficos utilizando el software R versión 4.1.2 (R Core Team, 2023) para representar los resultados del análisis de ADMIXTURE para los casos de k=2, k=5, k=8 y k=10 de posibles poblaciones ancestrales. Finalmente, se realizó un análisis

utilizando Treemix, una herramienta que permitió representar el árbol de poblaciones con relaciones históricas y eventos de migración. Durante este análisis, se exploraron varios escenarios de eventos migratorios, considerando desde 0 hasta 10 posibles eventos, utilizando el software Treemix en conjunto con R. Se utilizó el método lineal y el de Evanno para estimar el número óptimo de eventos migratorios mediante la función "OptM" del software R versión 4.1.2 (R Core Team, 2023), se realizó siguiendo el enfoque propuesto en el artículo de Fitak, (2021).

2.4 Resultados

2.4.1 Desequilibrio de ligamiento (LD), diversidad y Tamaño efectivo poblacional (Ne)

Antes de realizar el control de calidad, la frecuencia promedio de alelos menores (MAF) para HV fue de 0.25 y para LUC de 0.29. Después de realizar una rigurosa edición de control de calidad, se logró obtener un conjunto de datos compuesto por 10 individuos de la raza HV (4 machos y 6 hembras), que contenían 77720 marcadores SNP con tasa de genotipado de 99.82%. En el caso de LUC, 92 individuos (19 machos y 73 hembras), con 77210 marcadores SNP con tasa de genotipado de 99.44%, el MAF promedio después del control de calidad fue de 0.28 para HV y 0.31 para LUC como se observa en la (Tabla. 2-1) donde muestra la distribución de la frecuencia de alelos menores en las poblaciones de HV y LUC. Después del control de calidad, se observó que todos los marcadores de la raza HV estaban en equilibrio de Hardy-Weinberg, mientras que en la raza LUC, se identificaron 29 marcadores que no cumplían con el equilibrio de Hardy-Weinberg. Esto sugiere la presencia de factores que podrían estar afectando la distribución genotípica en la raza Lucerna.

La tabla 2-1 muestra los parámetros de diversidad genética para las poblaciones de HV y LUC.

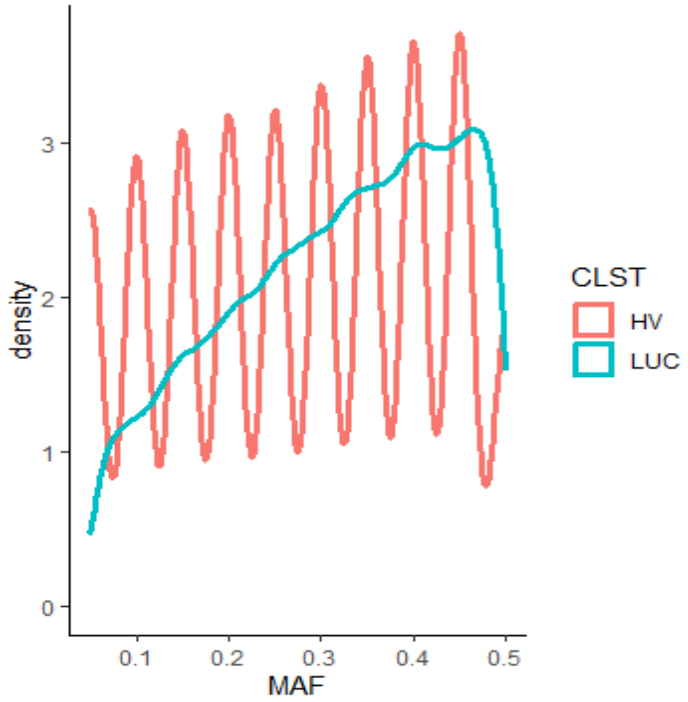
Tabla 2-1: Parámetros de diversidad en ganado Hartón del Valle y Lucerna.

Raza	SNP Prunning	MAF	Dist. media LD a 1 Mb	LD a 1Mb	Dist. media LD>0.3	Ne	HO	HE
Hartón del Valle	77720	0.28	159341.3	0.28	145597.3	13	0.40	0.34
Lucerna	77210	0.31	160160.2	0.17	109157.3	58	0.43	0.41

Frecuencia del alelo menor (MAF), desequilibrio de ligamiento (LD), distancia (Dist), tamaño efectivo de la población (Ne), heterocigosidad observada y esperada (HO) y (HE).

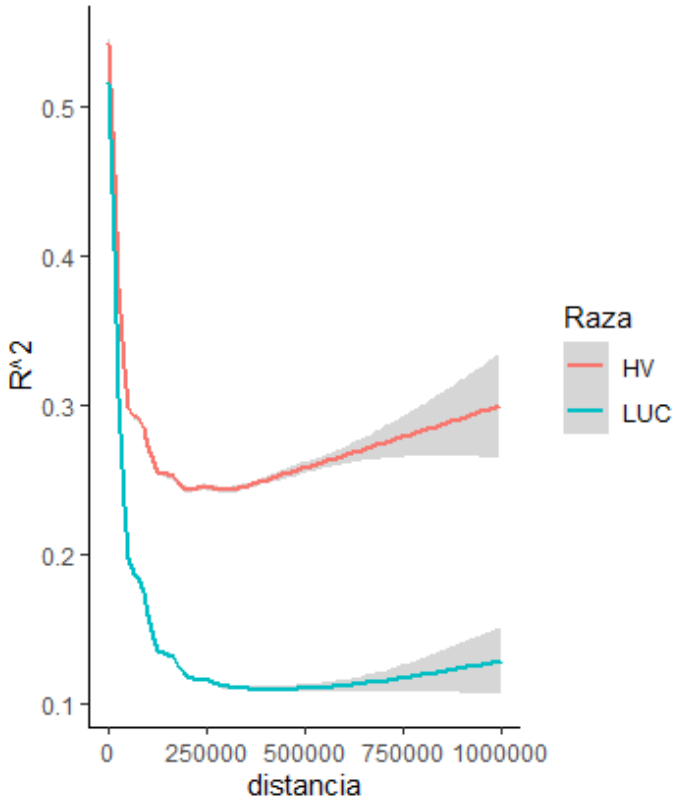
En la (**Fig. 2-1**) muestra la distribución de frecuencia de los alelos menores (MAF) para las razas Hartón del Valle (HV) y Lucerna (LUC).

Figura 2-1: Distribución de Frecuencia de Alelos Menores (MAF) para las razas Hartón del Valle (HV) y Lucerna (LUC).



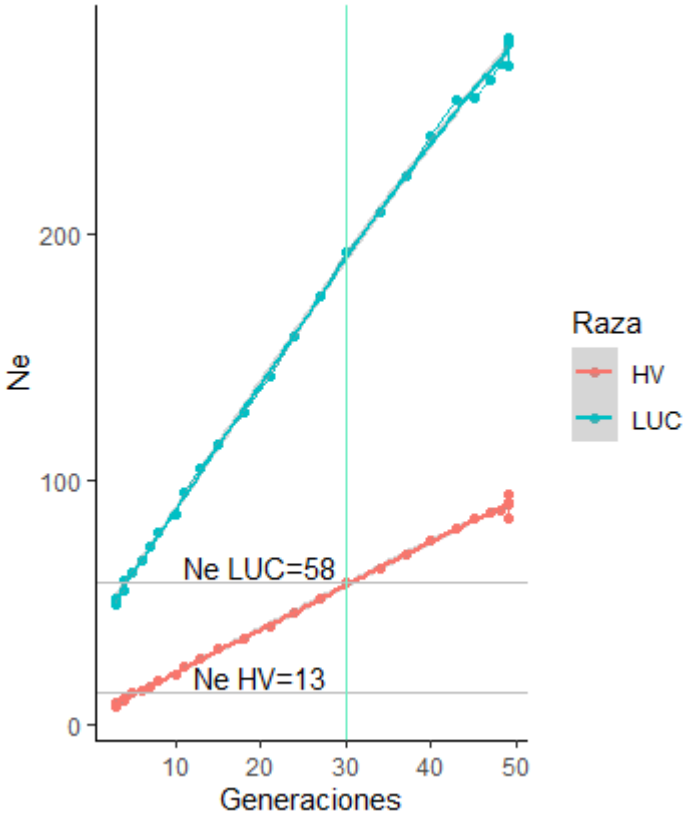
En este estudio, se encontró que el desequilibrio de ligamiento promedio (LD) considerando distancias menores a 1 Mb fue de 0.28, con una distancia media de aproximadamente 159341.3 kb para HV y LD a 1 Mb para LUC de 0.17 a una distancia promedio de 160160.2 kb (Tabla 2-1). Además, la distancia promedio a la que se alcanza un $r^2 > 0.3$ fue de 145597.3 para HV y 109157.3 para LUC, visualizando un r2 más persistente para HV que LUC como se representa en la (**Fig. 2-2**).

Figura 2-2: Decaimiento del desequilibrio de ligamiento (r^2) por distancia para Hartón del Valle (HV) y Lucerna (LUC).



Por otro lado, el tamaño efectivo de la población (Ne) presentó diferencias significativas entre las dos razas, la raza HV presentó un Ne actual de 13 y LUC de 58 como se observa en la (Tabla 2-1). Estos resultados indican que LUC tiene un Ne mayor en comparación con la raza HV reflejando una mayor diversidad genética en LUC de las últimas 5 generaciones. Sin embargo, para las dos razas se observa un decrecimiento constante en las últimas 50 generaciones como se representa en la (**Fig. 2-3**).

Figura 2-3: Tamaño Efectivo de la Población (Ne) para las Razas HV y LUC en las últimas 50 generaciones, basado en LD.



2.4.2 Análisis de los tramos de homocigosidad (ROH) y endogamia

El análisis de tramos de homocigosidad (ROH), permitió identificar 242 fragmentos ROH para los individuos HV que cubrían aproximadamente 209.90±48.28 Mb del genoma en promedio, esto significa que alrededor del 8.43±1.94% del genoma de cada individuo fue autocigótico, con un mínimo de 2.54% y máximo de 21%. Para LUC se identificaron 2670 fragmentos ROH que cubrieron en promedio 174.15±9.20 Mb por individuo, con una autocigosidad promedio de 7.00±0.37% (endogamia por ROH), con mínimo de 0.80% y máximo de 21.2%, valores que se presentan en la Tabla 2-2, donde se observa la distribución de ROH en los diferentes grupos de longitud (1-4 Mb, 4-8 Mb, 8-12 Mb y >12 Mb) en el genoma de las razas HV y LUC y la endogamia por ROH. Los resultados indican

que en el genoma del ganado HV, la mayor contribución a la homocigosidad se observó en los fragmentos (ROH1-4Mb), representando el 38.43% del genoma, mientras que la menor proporción se encontró en los fragmentos (ROH8-12Mb) con un 15.29%. Estos resultados señalan que HV presenta una distribución variada de fragmentos ROH en su genoma, como la mayor proporción es de fragmento corto, esto indica una homocigosidad antigua, pero que representa muy poca proporción de la endogamia. Por lo tanto, al contrario de la proporción en cantidad de ROH, la mayor cobertura de genoma homocigótico es por fragmentos largos, mientras que el menor es por fragmentos cortos. Por otra parte, para la raza LUC la mayor proporción de homocigosidad por fragmento se encontró en los fragmentos (ROH1-4Mb), representando el 52.02% indicando una homocigosidad antigua con poca endogamia. Por otro lado, la menor proporción se halló en los fragmentos de 8000 a 12000 Mb, correspondiendo al 10.04% y reflejando un periodo reciente, inmediatamente anterior.

Los resultados FIS para las dos razas indican exogamia, en el caso de la raza HV se obtuvo un valor de -0.17 y en LUC un valor menor de -0.05, estos resultados indican una tendencia hacia el exceso de heterocigotos en ambas razas.

Una vez realizado el prunning de datos para las razas HV y LUC, se realizó el cálculo de la HO y HE, para HV la HO fue de 0.40 y HE de 0.34, para LUC HO de 0.43 y HE de 0.41 como se observa en la tabla 2-1, estos resultados indican que en las poblaciones de ambas razas hay un exceso heterocigótico, lo que concuerda con la tendencia a la exogamia obtenida en los valores de FIS.

Los valores de FIS se basan en las estimaciones de heterocigosidad esperada y observada de una población especifica y pueden indicar una tendencia general en la población hacia la exogamia o endogamia. Por otro lado, el análisis de ROH se enfoca en regiones de homocigosidad en el genoma de individuos específicos, lo que puede reflejar la existencia de antepasados comunes y regiones de homocigosidad idénticos por ascendencia que nunca pueden ser negativos por lo que ROH no permite calcular tendencias hacia exogamia.

Tabla 2-2: Coeficiente de consanguinidad por ROH y distribución de ROH en los diferentes fragmentos de longitud (1-4 Mb, 4-8 Mb, 8-12 Mb y >12 Mb) para las razas HV y LUC.

RAZA	VARIABLE	ROH 1-4	ROH 4-8	ROH 8-12	ROH > 12	ROH TOTAL
HV	N ROH	93	66	37	46	242
	% ROH	38.43	27.27	15.29	19.01	100
	Media fragmento (Mb)	2.51	5.17	10.03	21.17	7.94
	SD Media fragmento	0.23	0.67	0.77	6.11	3.17
	Máx. Media fragmento (Mb)	2.84	5.91	11.11	30.83	14.08
	Largo sumado homocigótico	23.24	36.07	36.74	126.48	209.90
	Endogamia ROH %	0.93	1.45	1.48	5.08	8.43
	SE Endogamia ROH %	0.14	0.36	0.24	1.67	1.94
	CV Endogamia ROH %	46.8	77.5	51.8	98.4	72.7
	Min. Endogamia ROH %	0.11	0.16	0.36	0.51	2.54
	Máx. Endogamia ROH %	1.43	3.04	3.03	14.9	21
LUC	N ROH	1389	710	268	303	2670
	% ROH	52.02	26.59	10.04	11.35	100
	Media fragmento (Mb)	2.48	5.59	9.69	18.80	5.71
	SD Media fragmento	0.19	0.45	0.74	3.81	1.59
	Máx. Media fragmento (Mb)	3.00	6.54	11.69	27.91	10.54
	Largo sumado homocigótico	37.16	44.44	31.50	74.61	174.15
	Endogamia ROH %	1.5	1.79	1.27	3.00	7.00
	SE Endogamia ROH %	0.04	0.08	0.08	0.27	0.37
	CV Endogamia ROH %	27.4	43.9	58.2	80.7	50.7
	Min. Endogamia ROH %	0.64	0.16	0.32	0.51	0.80
	Máx. Endogamia ROH %	2.46	4.1	4.13	14.3	21.2

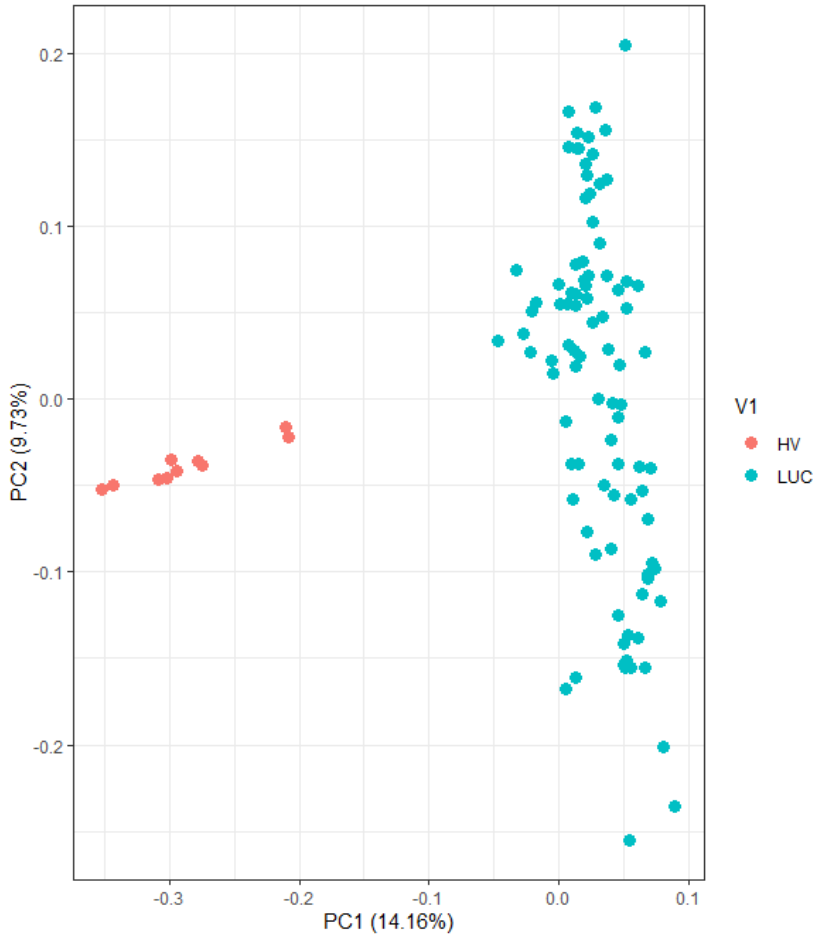
Número de fragmentos por ROH (N ROH), desviación estándar (SD), error estándar (SE), coeficiente de variación (CV).

2.4.3 Análisis de estructuración genética, Admixture y Treemix

Con el fin de llevar a cabo la comparación con otras razas, se integró una base de datos que incorporó la información genética de las razas Brahman, Gyr, Holstein, Negra Andaluza, Romosinuano y Shorthorn, compuesta por 110174 SNPs diferentes y presentaba una tasa de genotipado del 50.48%. Se incluyeron 10 animales HV y 27 LUC seleccionados aleatoriamente de la base de datos total, con el fin de evitar el sesgo por el tamaño grupal. Luego de combinar y aplicar filtro de calidad (MAF, MIND Y GENO ≥ 0.05), se identificaron 25074 variantes genéticas comunes entre las distintas densidades y paneles de genotipado, logrando una tasa de genotipado del 99.59%, luego de unir las bases de datos. Posteriormente, se realizó prunning a la base de datos y como resultado de este proceso se obtuvo finalmente 12404 variantes en un total de 190 animales, con una tasa de genotipado del 99.59%. Utilizando los marcadores genéticos comunes en la base de datos, se calcularon los valores promedio MAF para cada raza. Las razas Brahman y Gyr presentaron un MAF de 0.25 y 0.23, respectivamente, lo que indica una tendencia similar en las poblaciones de estas razas. Por otro lado, Holstein mostró un MAF de 0.34, Hartón del Valle de 0.32, y Shorthorn presentó una MAF de 0.30. Las razas Lucerna, Negra Andaluza y Romosinuano también presentaron una frecuencia del alelo menor de 0.33, señalando una similitud para marcadores particulares, puede sugerir cierta similitud genética en esas áreas específicas, pero no proporciona una imagen completa de la relación genética entre las razas en su conjunto en términos de MAF.

En cada una de las etapas del análisis de componentes principales, se evaluaron los 20 primeros componentes. Los tres primeros componentes en cada etapa explicaron prácticamente toda la varianza en la estructura genética de las poblaciones. La explicación de los 20 primeros componentes de HV y LUC se detalla en la (Fig. 2-12 suplementaria).
Primero entre las bases de datos originales de HV y LUC que incluía 10 animales HV y 94 LUC. Se observó que el primer componente fue el responsable de explicar el 14.16% de la variabilidad total mientras que el segundo explicó el 9.73% de la variabilidad total, al representar gráficamente estos dos componentes (**Fig. 2-4**), se detalla una clara separación entre las dos razas evaluadas, indicando que hay diferencias en su estructura genética.

Figura 2-4: Análisis de componentes principales (PC1 vs PC2) a partir de genotipos SNP en las razas Hartón del Valle (HV) y Lucerna (LUC).

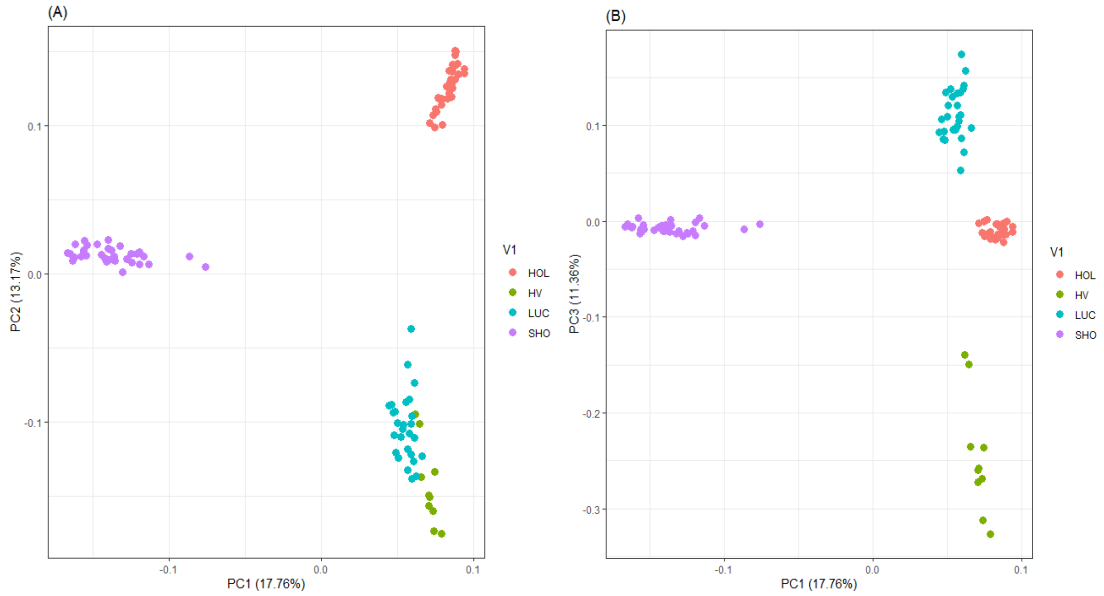


Hartón del Valle (HV), Lucerna (LUC)

Posteriormente en el análisis PCA de las razas que conforman a Lucerna, se incluyeron junto con esta Hartón del Valle, Holstein y Shorthorn, el primer componente explica el 17.76% y el segundo 13.17% de la variabilidad total, al representar gráficamente estos dos componentes (**Fig. 2-5A**), se observa una separación clara entre las razas Holstein y Shorthorn, de Lucerna y Hartón del Valle que se encuentran juntas, lo que indica una mayor similitud en estas dos poblaciones que puede deberse a la influencia de la raza HV en la formación de LUC suponiendo una mayor cercanía genética. Al considerar el tercer componente en el análisis que explica el 11.35% de la variabilidad total (**Fig. 2-5B**), se evidencia una mayor diferencia entre HV y LUC, indicando que, aunque comparten cierta

similitud genética, existen diferencias adicionales que se capturan en el tercer componente. La explicación de los 20 primeros componentes se detalla en la (Figura 2-13 suplementaria).

Figura 2-5: Análisis de componentes principales (A) (PC1 vs PC2) y (B) (PC1 vs PC3) a partir de genotipos SNP en las razas conformadoras de Lucerna.

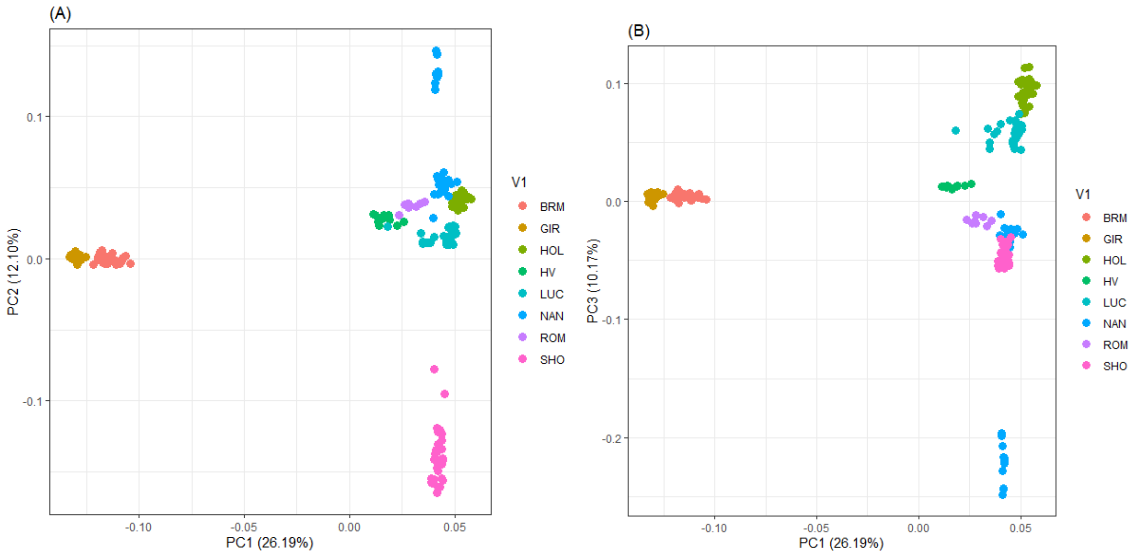


Holstein (HOL), Hartón del Valle (HV), Lucerna (LUC), Shorthorn (SHO).

Finalmente, en el análisis de PCA con la inclusión de más razas, como la Negra Andaluza, Romosinuano, Brahman y Gyr, se observaron patrones interesantes de separación entre las razas, el primer componente principal explica el 26.19% y el segundo el 12.10% de la variabilidad total, el primer componente evidencia una clara separación entre el ganado *Bos indicus* (Brahman y Gyr) de las demás razas *Bos taurus* (**Fig. 2-6A**) y el segundo componente permite observar una separación del grupo Shorthorn de las demás razas, pero se observó un grupo cercano de la raza Lucerna a la de HV. Para tener más claridad en la estructura, se realizó un análisis con el tercer componente que explica el 10.17% de la variabilidad total (**Fig. 2-6B**), en este análisis se observó a Lucerna junto a Holstein, dado que la visualización no brindaba suficiente claridad en las relaciones genéticas, se utilizó un gráfico en tres dimensiones (**Figura 2-7**), en este gráfico se identificó primeramente la separación de *Bos indicus* con *Bos taurus*, muestra la separación de Holstein con Lucerna, cercana a esta se encontraba Hartón del Valle, al lado Romosinuano

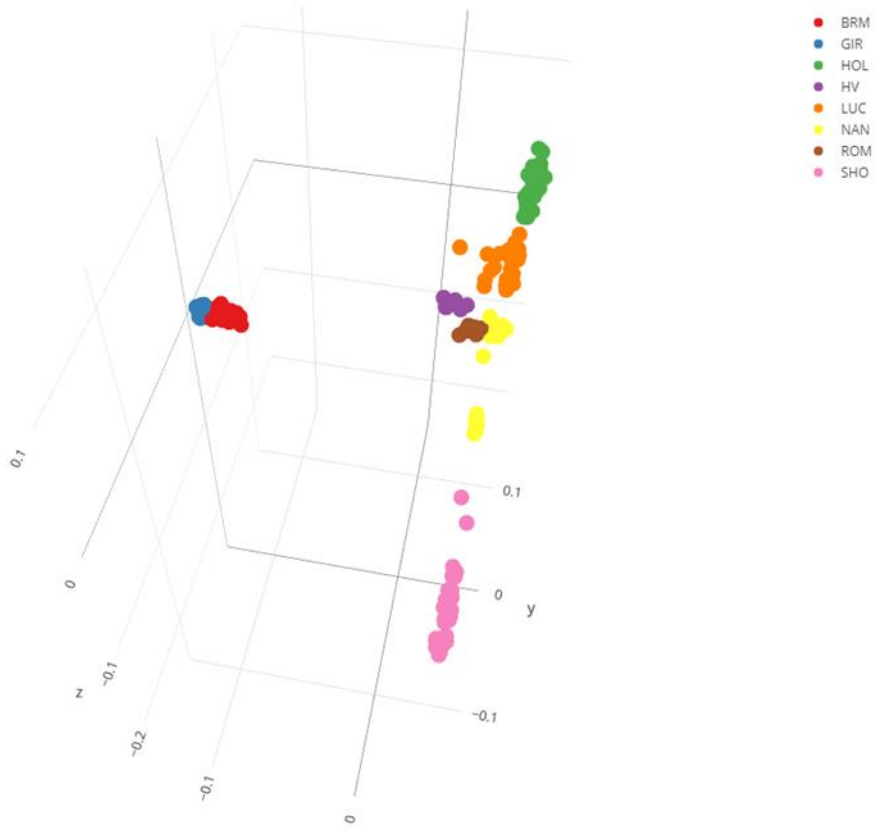
y cercano a Negra Andaluza, perteneciente al ganado ibérico, ganado que fue introducido durante la conquista, finalmente Shorthorn separado de estas. En el gráfico se evidencia que genéticamente Lucerna muestra un comportamiento distintivo de los demás grupos, lo que sugiere que se comporta como una raza independiente, diferente a las que la conformaron, su cercanía a Holstein puede explicar su producción de leche. Además, se ve más alejada de Shorthorn, indicando menor aporte en la conformación racial. La explicación de los 20 primeros componentes se detalla en la (Figura 2-14 suplementaria).

Figura 2-6: Análisis de componentes principales (A) (PC1 vs PC2) y (B) (PC1 vs PC3) a partir de genotipos SNP de todas las razas.



Brahman (BRM), Gyr (GIR), Holstein (HOL), Hartón del Valle (HV), Lucerna (LUC), Negra Andaluza (NAN), Romosinuano (ROM), Shorthorn (SHO).

Figura 2-7: Análisis de componentes principales (PCA) en 3D de todas las razas.



Brahman (BRM), Gyr (GIR), Holstein (HOL), Hartón del Valle (HV), Lucerna (LUC), Negra Andaluza (NAN), Romosinuano (ROM), Shorthorn (SHO).

En el análisis de estructuración utilizando los estadísticos FSTs se pudo determinar el valor entre la raza HV y LUC que fue de wFST = 0.10, lo que refleja una moderada separación entre estas dos razas. Por otro lado, entre las razas que conformaron originalmente a Lucerna una separación ligeramente mayor, con un wFST=0.11.

El análisis de estructuración genética con todas las razas el wFST fue de 0.15, utilizando el estadístico FSTs pareado de Slatkin, reveló que las razas Lucerna y Gyr presentan una mayor separación genética, con un valor de FST de 0.31 y un número de migrantes (Nm) de 1.26. Por otro lado, la menor diferenciación genética en Lucerna se encontró con la raza Holstein con un FST de 0.10 y un Nm de 2.89. El valor de FST pareado entre Lucerna y

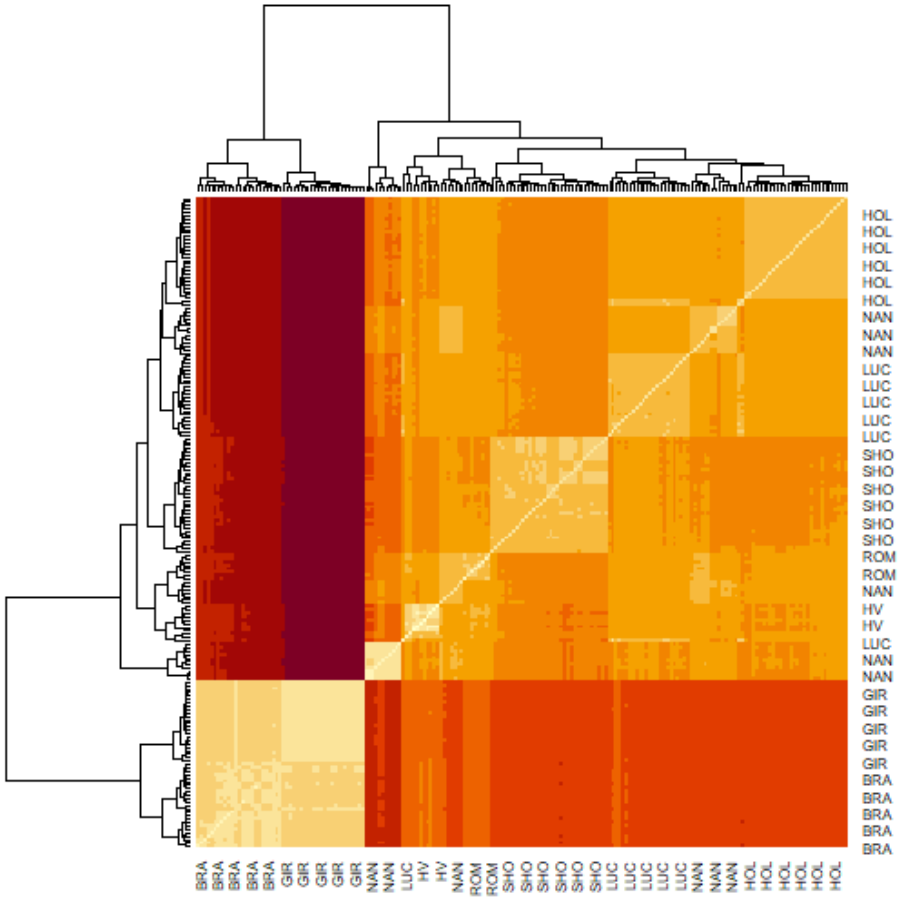
HV fue de 0.15, con Nm de 3.29 y para LUC y SHO, FST=0.14 con Nm de 3.47. Los resultados completos de FSTs pareados y las relaciones genéticas entre las razas según FSTs pareados de Slatkin se encuentran representados en la tabla 2-3.

Tabla 2-3: Valores de FSTs pareados de Slatkin (debajo de la diagonal) y número de migrantes (encima de la diagonal) entre las diferentes razas de bovinos evaluados.

Raza	BRM	GIR	HOL	HV	LUC	NAN	ROM	SHO
Brahman (BRM)		9,41	1,92	1,65	1,95	2,01	1,67	1,74
Gyr (GIR)	0,05		1,60	1,33	1,62	1,67	1,32	1,46
Holstein (HOL)	0,26	0,31		2,89	4,81	4,51	3,49	3,27
Hartón del Valle (HV)	0,30	0,37	0,17		3,29	3,15	2,67	2,30
Lucerna (LUC)	0,26	0,31	0,10	0,15		4,38	3,51	3,47
Negra Andaluza (NAN)	0,25	0,30	0,11	0,16	0,11		4,64	3,27
Romosinuano (ROM)	0,30	0,38	0,14	0,19	0,14	0,11		2,63
Shorthorn (SHO)	0,29	0,34	0,15	0,22	0,14	0,15	0,19	

Se utilizó la medida de similitud (IBS) para analizar y explorar las relaciones entre las diferentes razas estudiadas, se construyó una matriz de relaciones genómicas y una matriz de distancias de Nei que se representó por medio de un Dendrograma y mapa de calor (**Fig. 2-8**), donde se observa claramente que hay dos grupos, uno compuesto por los *Bos indicus* donde se encuentran Brahman y Gyr separados también en grupos y por otro lado los *Bos taurus* donde están las demás razas. Primero los Brahman y Gyr, luego está NAN formando un grupo, se puede observar también que unos pocos individuos Lucerna fueron clasificados como HV en este análisis, seguido HV formando otro grupo, luego se ve nuevamente otro grupo de NAN al lado de Romosinuano eso podría explicar que de pronto hay unos individuos NAN que parecen Romosinuano o Hartón del Valle y viceversa, Shorthorn muestra un grupo claro, Lucerna forma un grupo claro y Holstein también. Se puede concluir que Lucerna se comporta como una raza separada, Hartón del Valle también con su cercanía al ganado Ibérico (NAN) que forma dos grupos como se pudo evidenciar también en el análisis de PCA.

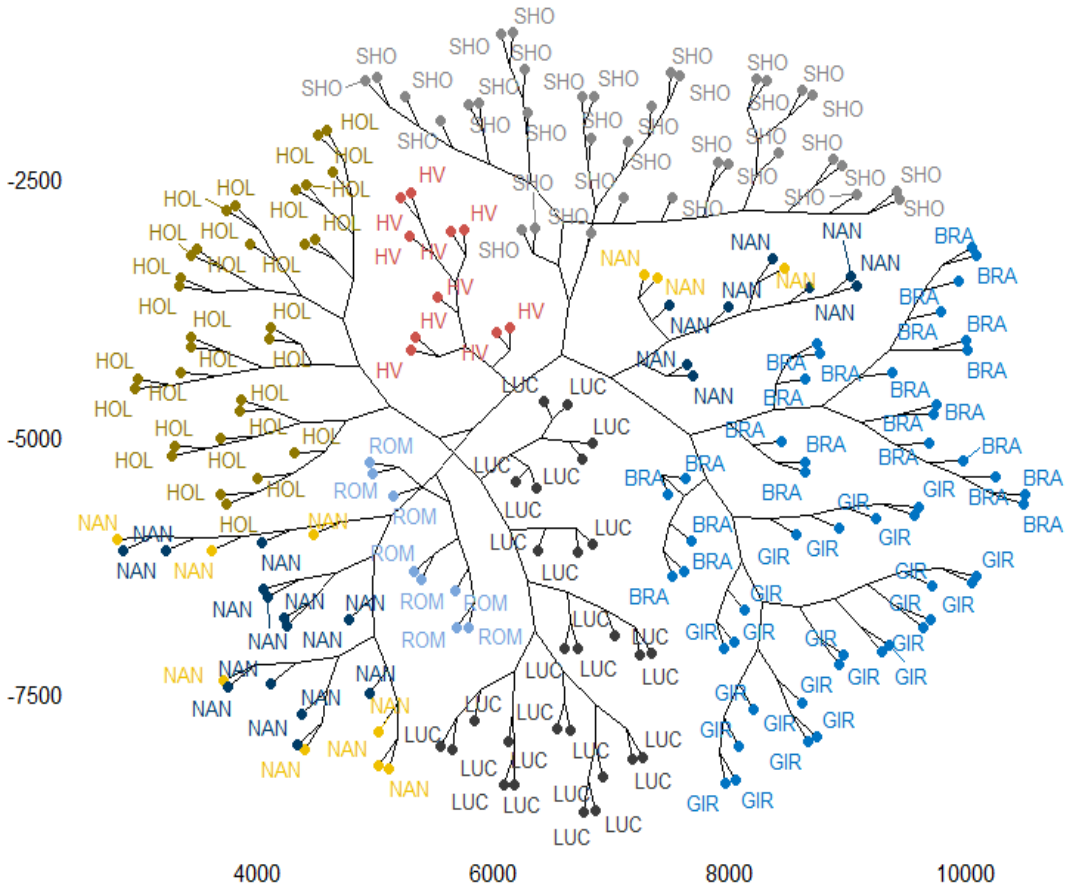
Figura 2-8: Dendrograma y mapa de calor basado en distancias genómicas de las razas evaluadas.



Brahman (BRM), Gyr (GIR), Negra Andaluza (NAN), Hartón del Valle (HV), Romosinuano (ROM), Shorthorn (SHO), Lucerna (LUC), Holstein (HOL).

Para centrar un poco más el análisis de relaciones e historia evolutiva a partir de las distancias genéticas de Nei entre las razas, se construyó un árbol filogenético donde se observa cada una de las razas acomodadas en grupos monofiléticos (**Fig. 2-9**), los más cercanos Brahman y Gyr, al lado se encuentra Lucerna cercana por un lado pero separado a Holstein y por el otro a Hartón del Valle, a un lado Romosinuano se encuentra cercano a Negra Andaluza y se observa nuevamente los dos grupos en que se divide ella, Shorthorn nuevamente se ve más lejos.

Figura 2-9: Árbol filogenético a partir de distancias genéticas entre las diferentes razas bovinas evaluadas. BRA=Brahman, GIR=Gyr, HOL=Holstein, HV=Hartón del Valle, LUC=Lucerna, NAN=Negra Andaluza, ROM=Romosinuano y SHO=Shorthorn. La sigla de cada raza representa un individuo.

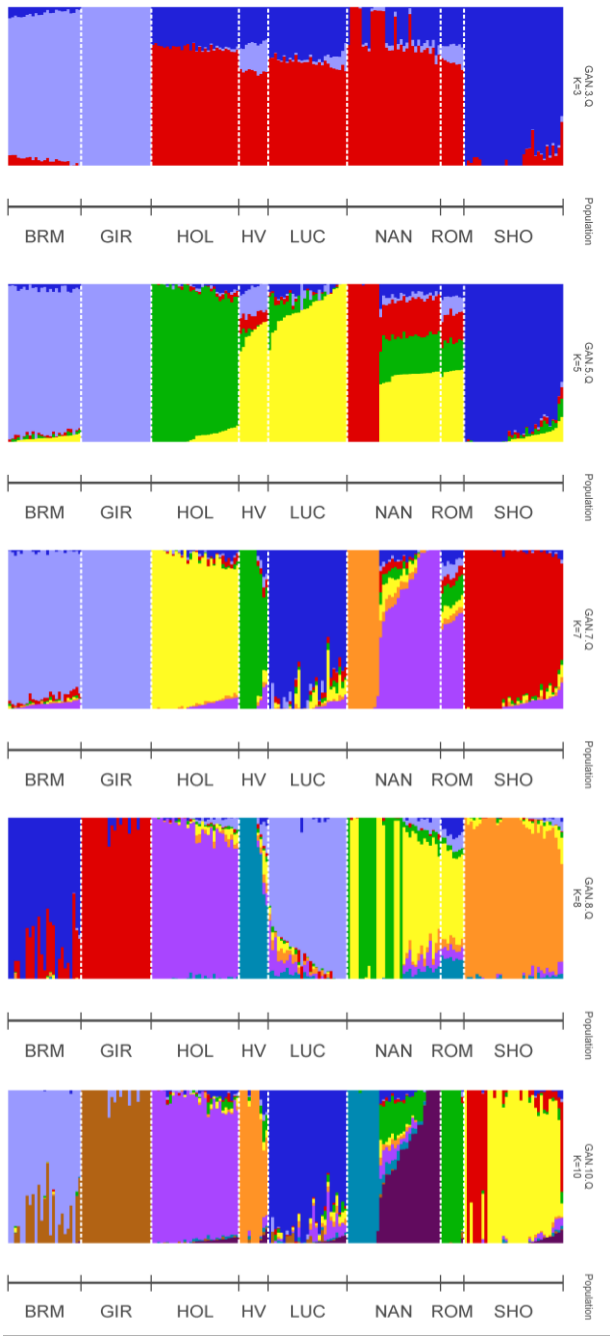


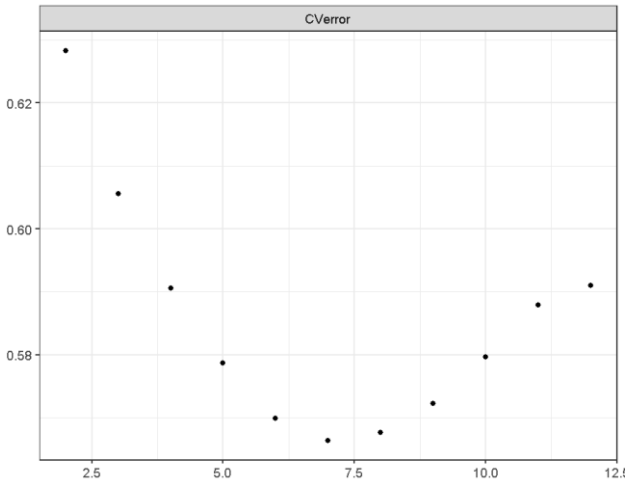
Posteriormente, el análisis de mezcla y estimación del error de validación cruzada (CVE) para elaborar las relaciones ancestrales hipotéticas entre las diferentes razas de ganado, centrándose en la raza Lucerna, se hizo el análisis de Admixture con las razas que conformaron la raza Lucerna y los resultados mostraron que el valor del mejor k fue para K=4 (Figura 2-15 Suplementaria) donde se observa que Lucerna se comporta como una raza independiente, Sin embargo, en el análisis de Admixture se obtuvieron resultados diferentes en la composición genética de Lucerna, mostrando que las proporciones de las razas han cambiado, ahora el análisis sugiere que la población LUC en K=3 está

compuesta por 3.69% del clúster Shorthorn, 8.07% del clúster Holstein y 88.25% del clúster Hartón del Valle, K=3 identifica genes comunes entre los criollos del Valle del Cauca. Considerando K=4, la composición fue de 6.61% del clúster de Holstein, 3.91% del clúster HV, 2.10% del clúster de Shorthorn y 87.38% para el clúster de Lucerna, lo que muestra que Lucerna si se comporta como raza, Cuando se evaluó K=4 el porcentaje restante de LUC presentaba un porcentaje de composición de cada raza así: 52.38% para HOL, 30.98% para HV y 16.64% para Shorthorn.

En la figura 2-10 se observan los resultados con todas las razas evaluados donde el mejor k fue aproximadamente entre K= 7 y 8, se puede observar el resultado del análisis de mezcla, donde se consideraron entre 2 y 12 poblaciones ancestrales. Con K=3, se descubrió que se puede separar un clúster que representa a los *Bos indicus* de los *Bos taurus*. Dentro de las razas *Bos taurus*, se identificó un clúster para el ganado británico y otro clúster para el ganado ibérico. Al aumentar K a 5, se notó que las razas *Indicus* Brahman (BRM) y Gyr (GIR) no se pueden distinguir, ya que se agrupan juntas. Además, se identificó un clúster para la raza Holstein, para HV junto con LUC comparten su composición. NAN mostró la presencia de dos grupos distintos, siendo uno de ellos similar a Romosinuano. Shorthorn se agrupó en un clúster separado, pero también mostró cierta similitud con los otros grupos de la raza *Bos taurus*. Al graficar K=7 se observa que las razas cebuinas se encuentran en un solo grupo, pero Lucerna está como una raza independiente. Al utilizar K=8, se separa el Brahman del Gyr en clústeres individuales. También se identificaron clústeres independientes para Holstein, Hartón del Valle, LUC y ROM. NAN siguió mostrando dos grupos distintos, aunque en esta ocasión con menos similitudes con Romosinuano. Shorthorn se agrupó en su propio clúster. Para terminar, con K=10, se observaron clústeres separados para BRM, GIR, HOL, HV y LUC. NAN aún muestra separación en dos grupos, pero con una menor similitud con ROM. ROM se agrupó en un clúster individual, y SHO mostró agrupamiento en dos clústeres diferentes.

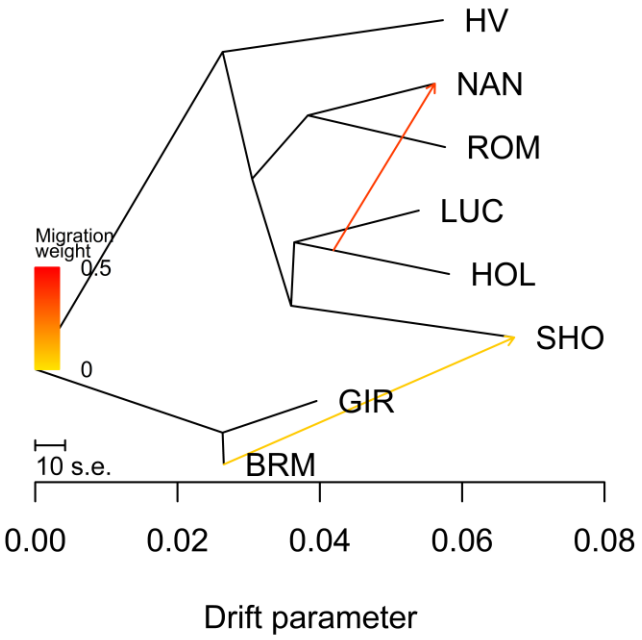
Figura 2-10: Análisis de validación cruzada con K de 2 a 12 poblaciones ancestrales hipotéticas del ganado Brahman (BRM), Gyr (GIR), Holstein (HOL), Hartón del Valle (HV), Lucerna (LUC), Negra Andaluza (NAN), Romosinuano (ROM) y Shorthorn (SHO) mediante análisis de Admixture. El mejor K fue aproximadamente entre K = 7 y 8 según el CVerror.





Finalmente, para conocer cuáles son los eventos y la cantidad de migración, los resultados del análisis de Treemix indicaron que el número óptimo de eventos migratorios que mejor se ajusta a los datos es de 2 eventos migratorios. Tanto el método lineal (Figura 2-16 suplementaria) como el método de Evanno concordaron en esta estimación, ambos métodos sugieren que hay evidencia de dos importantes episodios de migración en la historia de estas poblaciones. Esto puede indicar interacciones genéticas significativas entre ellas y proporciona información valiosa sobre la estructura y la dinámica poblacional. El árbol de población resultante que representa la estructura de poblaciones y los eventos migratorios se puede observar en la Figura 2-11.

Figura 2-11: Análisis de Treemix con dos eventos de migración.



2.5 Discusión

Los ganados criollos son portadores de una diversidad genética única, moldeada a lo largo de las generaciones por condiciones ambientales específicas y selección natural y artificial, lo que los convierte en un recurso genético de inmenso valor adaptativos y deseables. Dada la importancia de estos recursos para la agricultura y los diversos beneficios que brindan, es esencial estudiar y entender su diversidad genética, esta comprensión permite conservar y manejar de manera sostenible las distintas razas, asegurando su aporte continuo a la seguridad alimentaria y al desarrollo agrícola (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO], 2023a).

En este estudio, el MAF para las razas HV y LUC después del control de calidad fue de 0.28 y 0.31 respectivamente, con base en estos resultados, se puede inferir que LUC tiene una mayor frecuencia del alelo menos común en comparación con HV, lo que sugiere una mayor diversidad genética, estos valores son similares a otras razas criollas, en un estudio realizado en ganado Blanco Orejinegro (BON) y Romosinuano presentaron un valor promedio de MAF para ambas razas de 0.27 (Bejarano et al., 2018), comparado con otros estudios los valores reportados son inferiores en las razas Chino Santandereano y Romosinuano que presentan un MAF de 0.34 y 0.38 (Ocampo Gallego et al., 2021). Un estudio reciente en la raza BON reportó un MAF promedio de 0.32 (S. Caivio-Nasner et al., 2021). Al comparar estos resultados con estudios previos en razas de origen *Bos indicus*, se observa un valor de MAF en la raza Gyr de 0.24 (Garcia et al., 2023), los cual es lógico si se entiende que el Chip de genotipado es para ganado *Bos taurus*, por lo que en estas razas es común observar valores de MAF más bajos.

El análisis de LD reveló una diferencia significativa entre las razas HV y LUC. El promedio de LD hasta una distancia de 1 Mb fue notablemente más alto en HV (0.28) en comparación con Lucerna (0.17). Estos hallazgos sugieren una mayor persistencia de ligamiento en HV que en lucerna, quiere decir que hay más homocigosidad y probablemente menos diversidad, en la Figura 2-2, se puede observar el decaimiento donde HV está por encima, bajando lentamente, lo que indica que los bloques haplotípicos son más grandes. Para LUC en cambio, decae más rápido, lo que indica una mayor diversidad que HV. Los valores de r^2 en este estudio son superiores a lo reportado por Ocampo Gallego et al (2021), en la

raza criolla Chino Santandereano, donde el r^2 fue igual a 0.13 a la misma distancia, pero con menor densidad de genotipado (26K). En la raza BON se reportó un LD también considerando la distancia hasta 1Mb donde el LD fue de 0.21, pero también con menor densidad de genotipado (50K) (S. Caivio-Nasner et al., 2021). Un estudio realizado por Bejarano et al (2018), muestra resultados similares a los de este estudio donde a una distancia de 1Mb el r^2 fue de 0.23 para la raza Romosinuano y 0.19 para BON. Otro estudio realizado en la raza Gyr obtuvo un valor r^2 de 0.20 para una distancia de 50Kb donde observaron que a medida que aumentaba la distancia, disminuía el valor promedio de r^2 como en una curva típica de decaimiento de LD (Garcia et al., 2023).

Se ha documentado que las razas *Bos taurus* tienden a mostrar niveles más altos de LD en comparación con las razas *Bos indicus*, como se ha observado en estudios realizados por Pérez O'Brien et al (2014). Estos hallazgos respaldan la idea de que las razas *Bos taurus* tienen un mayor valor de LD en su genoma en comparación con las razas *Bos indicus*, lo cual puede ser explicado en el sesgo por el mayor conocimiento genómico y porque los chips de genotipado fueron diseñados para ganado *Bos taurus*, buscando un alto número de SNPs segregado en esas razas.

Teniendo en cuenta que es deseable que los valores r^2 entre marcadores contiguos sean mayores a 0.20 o 0.30 ya que indican una fuerte asociación genética entre los marcadores y son necesarios para capturar de manera completa la variación genética de los rasgos de interés (Ardlie et al., 2002), la densidad de genotipado utilizada en la selección genómica depende, en parte, de los patrones de LD presentes en la población estudiada. Por lo tanto, es necesario tener un nivel adecuado de LD entre marcadores para garantizar una cobertura óptima de la variación genética y una buena predicción de los valores genómicos (S. Caivio-Nasner et al., 2021).

La distancia promedio a la que se obtiene un $r^2 > 0.3$ fue de 145.59Kb para HV y 109.15Kb para LUC, se sugiere que la persistencia del ligamiento a QTLs para la evaluación genómica requeriría una densidad de genotipado de al menos 17000 marcadores SNPs para HV y 22800 para LUC, asumiendo un tamaño de genoma de 2,489,385.77 Kb tomado de la base de datos de ENSEMBL (https://www.ensembl.org/index.html), esto significa que se requieren menos cantidad de marcadores genéticos para hacer selección genómica en HV, lo que puede estar asociado a una menor diversidad genética en la población. Estos

resultados son inferiores y presentan una caída de LD más rápida en comparación a lo reportado en Chino Santandereano donde encontraron un LD mayor de 0.3 a una distancia promedio de 340.3Kb (Ocampo Gallego et al., 2021). Valores inferiores fueron encontrados en ganado BON donde presentaron $r^2 > 0.3$ a una distancia de 77.43Kb (S. Caivio-Nasner et al., 2021). Bejarano et al (2018) reportó distancias de 70Kb para BON y 100Kb para ROM alcanzando el mismo valor. En ganado Simmental reportaron valores en los que se encuentra un $r^2 > 0.3$ a una distancia de 33Kb (Amaya et al., 2020). Las distancias en las que se alcanza un valor de $r^2 > 0.3$ proporciona información sobre la persistencia del ligamiento genético, como se observa en los resultados de los otros autores, los valores son menores comparados con los de este estudio, aunque es importante tener en cuenta que los valores pueden variar dependiendo del tamaño y estructura de la población analizada, la densidad de genotipado, los parámetros que se hayan tenido en cuenta para realizar el control de calidad y la diversidad genética presente en cada raza o población.

En el estudio, el tamaño efectivo de la población (Ne) juega un papel crucial en la determinación de la variabilidad genética, se observó una tendencia descendiente en el tamaño efectivo de la población (Ne) a lo largo de las generaciones en ambas razas (**Fig. 2-3**). En la raza LUC se obtuvo un valor actual de Ne = 58, lo que indica un tamaño efectivo de población relativamente grande en comparación con HV, que el Ne fue de 13, lo que sugiere que esta población ha experimentado una disminución significativa en su tamaño efectivo de población a lo largo de las generaciones. Esta disminución de Ne a lo largo del tiempo puede ser el resultado de varios factores, como la reducción del número de reproductores o eventos de cuello de botella que han limitado la variabilidad genética en la población. Comparado con ganados criollos, un valor mayor fue reportado en la raza BON con un Ne = 123 (S. Caivio-Nasner et al., 2021), aunque es importante resaltar que la densidad de genotipado fue diferente y que esta raza es la raza criolla de mayor inventario en el país, lo que contribuye a un Ne de población más grande debido a la disponibilidad de un mayor número de reproductores y una variabilidad genética más amplia. Estos factores favorecen la conservación de la diversidad genética en la población, lo que se refleja en un Ne más alto en BON en comparación con HV y LUC. En la raza Chino Santandereano se reportó un Ne = 32 (Ocampo Gallego et al., 2021). En razas cebuinas, un estudio en ganado Gyr reportó un valor de Ne = 11, valor inferior al reportado en las dos razas de este trabajo. Este Ne bajo del ganado Gyr, podría deberse a prácticas

de reproducción selectiva a lo largo del tiempo, como la utilización continua de un número limitado de sementales específicos sin reemplazo, lo que ha llevado a un aumento en la endogamia y una disminución en la diversidad genética. Sin embargo, ellos resaltan que actualmente están utilizando métodos genéticos más avanzados en sus programas de cría, lo que significa que están introduciendo toros más jóvenes en sus programas de pruebas de descendencia, acortando el tiempo necesario para que una nueva generación reemplace a la anterior. (Garcia et al., 2023).

Por otra parte, un estudio en una población de Holstein española determinó Ne a partir de la información genealógica y del genoma completo, sus resultados fueron consistentes y oscilaron entre 66 y 79 (Rodríguez-Ramilo et al., 2015). Otro estudio realizado en ganado lechero Jersey danés reportó un Ne = 135 (Thomasen et al., 2013). Según la recomendación de la FAO (2013), se considera óptimo tener alrededor de 50 animales por generación para alcanzar un tamaño efectivo de población deseado, aunque ese sería un tamaño mínimo, es preferible contar con un número mayor de animales para garantizar la supervivencia a largo plazo de la población. Con base en esta recomendación, se puede decir que las razas LUC y HV están por encima y por debajo del tamaño deseado establecido por la FAO. La raza LUC, con un Ne de 59, se encuentra por encima del tamaño deseado, lo que sugiere que su diversidad genética y capacidad de selección son adecuadas para segurar que la población continúe existiendo durante un período prolongado. Por otro lado, la raza HV, con un tamaño efectivo de población de 13, está por debajo del tamaño deseado, esto podría indicar que la raza corre un mayor riesgo de pérdida de variabilidad genética y de enfrentar desafíos en términos de adaptabilidad en el futuro. Sin embargo, es importante resaltar que en HV solo se tomó una población y no una muestra de la diversidad genética existente.

Por otra parte, los eventos de mezcla de razas pueden contribuir a estas diferencias. Estos factores pueden afectar la diversidad genética y tener implicaciones en el tamaño efectivo de la población (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO], 2023a).

En este estudio, las regiones de homocigosidad (ROH) presentadas en la Tabla 2-2, señalan que para HV permitieron identificar 242 fragmentos ROH que representa 24.2 segmentos de ROH promedio por individuo, la suma media de todas las longitudes cubrió

209.90 Mb, lo que resulta en una longitud media de 7.94 Mb por individuo, equivalente a un 8.43% de endogamia. Para la raza LUC se identificaron 2670 fragmentos ROH, es decir, 29.02 regiones ROH promedio por individuo, la suma promedio de todas las longitudes cubrieron 174.15 Mb, lo que infiere una longitud media de 5.71 Mb por individuo, equivalente a un 7.00% de endogamia. La raza HV presenta un nivel de endogamia más alto, lo que se asocia con una menor diversidad genética en comparación con el nivel de endogamia de LUC, esto indica que ciertas regiones del genoma de los individuos de HV están más estrechamente relacionados por descendencia, lo que lleva a una mayor homogeneidad genética dentro de la población. Valores cercanos a la raza Lucerna fueron reportados en la raza criolla BON donde cubrieron en promedio 170.36 Mb por individuo con una endogamia del 6.78% (S. Caivio-Nasner et al., 2021), estos valores son inferiores al compararse con los de HV de este estudio. Un resultado inferior al contrastarse con ambas razas de este trabajo fue reportado por Ocampo Gallego et al (2021), donde las regiones de ROH cubrieron 134.56 Mb por individuo y un 5.36% de genoma autocigótico. En Holstein fue reportada una endogamia por ROH del 3.8% (Bjelland et al., 2013) y en Holstein mexicano 71.83 ROH por animal con una endogamia del 2.77% (Cortes-Hernández et al., 2022), valores también inferiores a los de este estudio. En ganado especializado Gyr reportaron una cantidad significativa de tramos de homocigosidad con un promedio de longitud ROH de 3.24 Mb y 53 ROH por individuo, la endogamia promedio fue de 5.36% (Garcia et al., 2023). Valores más altos se reportaron en la raza autóctona Hainan en el sur de China (375 Mb) (Liu et al., 2022).

El ganado HV y LUC, presentaron una mayor contribución a la endogamia con ROH largos (>12Mb) que indican una endogamia reciente (últimas 4.16 generaciones), indicando que en estas generaciones ha habido una mayor frecuencia de cruces entre parientes cercanos quizá por la selección basada en características deseadas, HV presenta una mayor proporción de endogamia en comparación con LUC, esta endogamia reciente de HV en las últimas generaciones está relacionada con el Ne de la población ya que es probable que el número efectivo de individuos disminuya como se reportó en este trabajo. Es importante considerar que solo se trabajó con una población HV, por lo que se espera mayores valores en la población total. Estudios anteriores realizados en ganado Chino Santandereano y Blanco orejinegro, también informaron resultados similares, mostrando una mayor proporción de endogamia reciente en los bovinos criollos de Colombia (S.

Caivio-Nasner et al., 2021; Ocampo Gallego et al., 2021). En otras razas como el ganado Gyr, se ha observado un patrón similar de mayor endogamia reciente (Garcia et al., 2023).

Por otra parte, se analizó la heterocigosidad observada y esperada de las razas HV y LUC como se observa en la tabla 2-1, para HV (Ho=0.40 y He=0.34) para LUC (Ho=0.43 y He=0.41). Los resultados muestran que la raza LUC posee una mayor variabilidad genética y una mayor proporción de alelos heterocigóticos en comparación con HV. Pero también revelan que ambas razas exhiben una mayor heterocigosidad observada en comparación con la heterocigosidad esperada, lo que indica un exceso de heterocigóticos en ambas poblaciones lo que sugiere una mayor diversidad genética en ambas razas. A partir de estos resultados se presentó un valor de FIS negativo para ambas razas (HV = -.017 y LUC = -0.05), lo que concuerda con el exceso de heterocigotos relacionados con una tendencia a la exogamia, que coincide en el caso de HV con la introducción de reproductores de otras ganaderías en la ganadería evaluada, lo cual aporta alelos nuevos a la población.

Un estudio donde utilizaron ocho subpoblaciones comerciales de la raza bovina criolla Romosinuano dos de esas subpoblaciones, una proveniente del departamento de Bolívar de la hacienda Bonanza (BO) y otra del departamento de Meta de la hacienda Fabio Torres (FT) mostraron resultados similares donde los animales analizados fueron heterocigotos y el valor de FIS negativo para BO, He = 0.718, Ho = 0.724 y FIS = -0.006, para FT, He =0.801, Ho = 0.869 y FIS = -0.088 (Bejarano G et al., 2012), como se presentó en este estudio con Heterocigosidades observadas mayores y valores de FIS negativos que podría indicar la presencia de procesos recientes de cruzamiento entre razas. Un estudio que involucra varias razas criollas, entre ellas Lucerna y Hartón del Valle arrojó un resultado contrario al de este estudio y una Ho mayor a la reportada, el promedio de las razas criollas de Ho = 0.71 y He = 0.80 (Martínez et al., 2012), pero usando marcadores microsatélites que a menudo tienen tasas de mutación más altas y no SNPs. La heterocigosidad en este estudio es superior a la reportada en dos estudios, uno reciente donde se incluyeron seis razas bovinas criollas de Colombia, entre ellas HV, reportaron una heterocigosidad esperada de 0.35 (Martinez et al., 2023). Otro en razas de ganado autóctonas de Chino Santandereano encontró Ho = 0.27 para la raza Nandan y Ho = 0.28 para las razas Beisha y Tiantai (Zhang et al., 2018). Estudios realizados por Hernández Herrera et al (2015) donde evaluaron el polimorfismo del gen DRB3 usando la metodología PCR-SBT

(Tipificación basada en secuenciación por reacción en cadena de la polimerasa), incluyeron las razas HV, LUC y HOL y reportaron valores superiores de Ho (para HV = 0.89, LUC = 0.90 y HOL = 0.90) con valores positivos de FIS indicando un déficit de heterocigotos, solamente significativo en HV. Vargas et al (2016) en ganado Macabea amazónico de Ecuador donde realizaron el análisis a partir de marcadores microsatélites reportaron valores de Heterocigosidad Ho = 0.72 y He = 0.73. Valores mayores a los encontrados en este estudio.

Seguidamente, al realizar la unión de las bases de datos con las de otras razas, el análisis de PCA en cada una de las etapas, permitió distinguir en primera instancia la raza HV de LUC (**Fig. 2-4**) en el primer componente. Además, en la Figura 2-5 donde se encuentra el PCA de las razas que componen Lucerna, separó en el primer componente la raza Shorthorn de las demás razas y en el gráfico de todas las razas (**Fig. 2-6**), el primer componente permitió distinguir claramente entre los ganados *Bos taurus* y *Bos indicus*, que es de esperarse debido a sus marcadas divergencias en su origen geográfico, historia evolutiva y características fenotípicas, tal como se ha observado en otros estudios (Hu et al., 2020; Pereira Verdugo et al., 2019). En el segundo componente de HV y LUC se sigue evidenciando claramente su separación, LUC comportándose como una raza independiente a pesar de que HV hizo parte de su composición como raza.

Para las razas que componen LUC, se puede observar que se separó la raza HOL y la raza SHO de las razas criollas (LUC y HV), esta separación del ganado Shorthorn puede estar relacionada con su origen y su historia evolutiva que la distingue de las demás razas presentes en el análisis, la separación de la raza HOL puede ser atribuida a su fuerte selección para producción lechera. Es importante notar que las razas criollas HV y LUC poseen una historia evolutiva similar y su ancestría es en parte proveniente del ganado Ibérico, lo que las diferencian de las otras razas (Martínez et al., 2012). Al graficar el tercer componente en cada una de las etapas, se evidencia claramente la separación de cada una de las razas y sitúa a LUC cercana a HOL, lo cual puede deberse a su característica como productora de leche y a que es una raza ampliamente difundida en Colombia. Sin embargo, en el análisis de Admixture con las razas que componen Lucerna, solo el 8.07% correspondió al clúster asociado a Holstein, pero en el PCA los muestra cercanos en su segundo componente. En cambio, en el análisis filogenético en el que se incluyen todas

las razas, muestra a HOL más cercano a LUC. No obstante, cabe señalar que los análisis muestran que LUC se comporta como una raza independiente, con su impronta genómica, por lo que necesariamente la proporción de relación con los clústeres puede ser relativa.

Finalmente, en el análisis de PCA donde están incluidas todas las razas dentro del estudio incluyendo el gráfico en tres dimensiones, el primer componente como se mencionó inicialmente muestra una separación clara entre el ganado *Bos indicus* y *Bos taurus*. El segundo muestra la separación del grupo Shorthorn de las demás razas taurinas que se atribuye a su historia evolutiva, se sitúa a Lucerna cercana a Holstein como en el análisis de las razas que la componen y cercana a esta se encuentran las razas criollas Hartón del Valle y Romosinuano mostrando una proximidad al grupo de Negra Andaluza, perteneciente al ganado Ibérico, que concuerda con el origen de las razas criollas provenientes del ganado Ibérico durante la conquista (Martínez et al., 2012). Estos hallazgos también se respaldaron mediante el análisis de FSTs y el árbol filogenético.

Es importante tener en cuenta que en la evaluación de HV y LUC se usó toda la población Lucerna (94 animales) en comparación con las demás razas donde se utilizó la base de datos reducida (27 animales Lucerna), para evitar el sesgo por tamaño poblacional. Inicialmente, se compararon las razas HV y LUC, y se obtuvo un valor de wFST = 0.10 y FST pareado por Slatkin de 0.15, el valor de FST global puede deberse al tamaño muestral, ya que el FST pareado por Slatkin no considera el tamaño muestral y por eso la diferencia es pequeña respecto a cuando se usan más razas, ambos resultados indican una moderada diferenciación genética entre las razas, la presencia de HV en la composición de LUC puede haber influido en esta diferenciación. Posteriormente, entre las razas que componen Lucerna incluyendo también a LUC en el análisis, el resultado mostró un valor de FST = 0.11, lo que indica un grado ligeramente mayor, comportándose LUC como una raza independiente.

Posteriormente, se llevó a cabo un análisis exhaustivo que incluyó todas las razas mediante el uso de FSTs pareados por Slatkin. Estos resultados respaldan y complementan los hallazgos obtenidos en los análisis previos de PCA y el árbol filogenético. Es notable la marcada separación entre las razas de ganado *Bos indicus* y *Bos taurus*, debido al menor flujo de genes que causa estructuración poblacional. En el análisis de PCA, que involucra las razas que componen Lucerna, se observó la cercanía

de HOL con LUC y, a su vez, esta con HV. Aunque algunos estudios previos, utilizando diferentes marcadores y métodos, han reportado una clara separación entre ciertas razas criollas de América y razas especializadas como Holstein (Giovambattista et al., 2013; Martínez et al., 2012), es importante considerar que este estudio utilizó FSTs pareados por Slatkin y se centró en todas las razas, incluyendo las que componen Lucerna. Por lo tanto, los resultados obtenidos en este análisis pueden ofrecer una perspectiva complementaria, destacando la impronta genómica distinta de las razas criollas en comparación con las razas especializadas.

El árbol filogenético (**Fig. 2-9**) separó las razas *Bos indicus*, separó el ganado Shorthorn, separó la raza Holstein y la situó cercana a LUC. Lucerna con cercanía a HV, ROM y estas razas criollas cercanas a NAN, lo cual está en concordancia con estudios anteriores que muestran una separación entre algunos criollos de América y razas especializadas como Holstein, Shorthorn Brahman y Gyr (Bejarano G et al., 2012; Martínez et al., 2012; Ocampo Gallego et al., 2021). Se evidencia una separación entre LUC, HV y HOL, lo que concuerda con otros estudios donde se observó la separación de estas razas en un árbol de Neighborn joining (Hernández Herrera et al., 2015), otro estudio evidenció la separación de HV de razas especializadas Holstein, Brahman y Gyr (Vargas et al., 2016). También se pudo observar dentro del árbol filogenético que la raza Negra Andaluza presenta una separación en dos grupos distintos, lo cual sugiere la existencia de subpoblaciones o subgrupos dentro de esta raza que también se observan en los análisis de PCA (**Fig. 2-7**), Dendrograma, mapa de calor (**Fig. 2-8**) y Admixture (**Fig. 2-10**). Esto puede deberse a distintos factores como la adaptación a diferentes ambientes geográficos o eventos de mezcla genética reciente con otras razas. En un análisis de PCA de un estudio de diversidad genética donde incluyeron NAN para el análisis, se puede observar también la división de los grupos dentro de la raza (Freitas et al., 2021).

El análisis de Admixture con las razas que componen Lucerna (Figura 2-15 suplementaria) el mejor k fue para K=4, lo que sugiere que el análisis ha sido capaz de identificar cuatro fuentes ancestrales distintas en la composición genética de las poblaciones analizadas, el clúster de LUC muestra una composición genética única (impronta genética), ya que se comporta como un grupo separado en el análisis a pesar de tener proporciones pequeñas de las otras tres razas. Esto demuestra que, aunque haya habido cierta influencia genética

de las tres razas en la formación de LUC, ha habido procesos de selección, endocría y/o aislamiento reproductivo que han llevado a una diferenciación genética significativa y sitúan hoy en día a Lucerna como una raza.

Por otra parte, en el análisis de Admixture con todas las razas (**Fig. 2-10**), el error de validación cruzada permite suponer entre 7 y 8 poblaciones ancestrales hipotéticas, al graficar cada uno de los resultados, en K=3 se ve un comportamiento único entre *Bos indicus* y *Bos taurus*, dentro de los *Bos taurus* se forma un grupo para el ganado británico y otro grupo para el ganado Ibérico. Avanzando en el análisis se observa como K=5 agrupó las razas *Bos indicus* (Brahman y Gyr) y LUC con HV parecen estar compartiendo la misma mezcla. K=7 separó las razas cebuinas en un grupo. En K=8 se ven completamente separados los grupos, Lucerna se comporta como una raza diferente con algo de mezcla de las demás razas, un poco más de Holstein y por eso es productora de leche, para HV, HOL y LUC se observa un poco del ganado Cebuino dentro de ellas, aunque se observan dos grupos dentro de Negra Andaluza como se había mencionado anteriormente y se evidenció en el Dendrograma y mapa de calor (**Fig. 2-8**).

Cuando se grafica K=10 se observa como los *Bos indicus* se mezclan un poco entre sí, aparece HOL, HV y LUC comportándose como grupos independientes con algo de mezcla dentro de ellos de los otros grupos, que puede deberse a la reproducción con otras razas, ROM se comporta como un grupo aparte, NAN muestra su división en dos grupos con algo de ROM en uno de ellos y Shorthorn comienza a separarse en dos grupos también. Al considerar todas las razas, se encontró que la composición genética de Lucerna corresponde al 85.62% del clúster Lucerna. El porcentaje restante representa la contribución de otras razas, dentro del 2.17% corresponde a los *Bos indicus*, mayoritariamente Gyr (1.55%), lo cual es coherente, ya que Gyr es una raza de ganado lechero ampliamente utilizada en el Valle del Cauca. Para Hartón del Valle, la composición genética corresponde al 85.70% del clúster de HV en promedio, el porcentaje que resta representa la contribución de otras razas, el 2.02% corresponde a los *Bos indicus*, mayoritariamente Brahman (1.21%), Holstein 0.20% y de Lucerna 4.16%. Un estudio realizado por Martínez et al (2012) utilizando marcadores microsatélites reportó contribución del ganado Cebuino, británico e Ibérico en las razas criollas Hartón del Valle y Lucerna como se evidenció en este estudio. Otro estudio donde determinaron la estructura genética de las poblaciones mediante el software Structure se pudo observar en

el clúster de HV un poco de mezcla de ganado Cebuino dentro de la raza (Vargas et al., 2016). Un estudio reciente que involucró el ganado HV reportó en su análisis que se encontraron señales de introgresión dentro de HV, mostrando que algunos animales no tenían un origen puro (Martinez et al., 2023).

Los resultados del análisis de Treemix no revelaron eventos de migración reciente para HV y LUC, los eventos estuvieron asociados a migración entre otras razas. Los resultados permitieron observar conjuntamente el agrupamiento de poblaciones y los eventos migratorios. Y se observa nuevamente como se agruparon en dos ramas los *Bos indicus* de los *Bos taurus*. La raza LUC se encontró en una rama cercana a Holstein, lo que puede explicar su producción de leche, tal como se mencionó previamente. Se observaron dos eventos de migración en la historia evolutiva de las razas estudiadas (**Fig. 2-11**). Uno de ellos entre la raza Holstein hacia la raza Negra Andaluza. Sin embargo, en el análisis de Admixture se observó poca proporción de Holstein en NAN.

El segundo evento de migración fue desde la raza Brahman hacia la raza Shorthorn, con una proximidad de flujo de genes cercana a 0. Esto indica que también ha habido un evento de migración entre estas dos razas, pero con una cantidad de flujo de genes muy baja. No obstante, en el análisis de Admixture de todas las razas (**Fig. 2-10**), el K=10 en el caso de SHO no se evidencia una proporción importante de esos genes en el clúster relacionado con Shorthorn.

Finalmente, los resultados de este estudio indican que la población Hartón del Valle tiene una menor diversidad en comparación con la población de Lucerna, lo que establece que la raza Lucerna tiene potencial de ser usada en programas de mejora genética, mientras que HV depende de un análisis más profundo usando varias poblaciones. En otras palabras, se encontró que la población HV evaluada es más vulnerable en términos de diversidad genética, lo que sugiere que podría estar en mayor riesgo en términos de conservación en comparación con la raza Lucerna. Por último, a pesar de que Lucerna es originalmente una raza sintética, sus características genéticas y fenotípicas se han estabilizado lo suficiente, lo que la coloca en la categoría de una raza independiente.

2.6 Material suplementario

Figura 2-12: Varianza explicada por los 20 primeros componentes principales de HV y LUC.

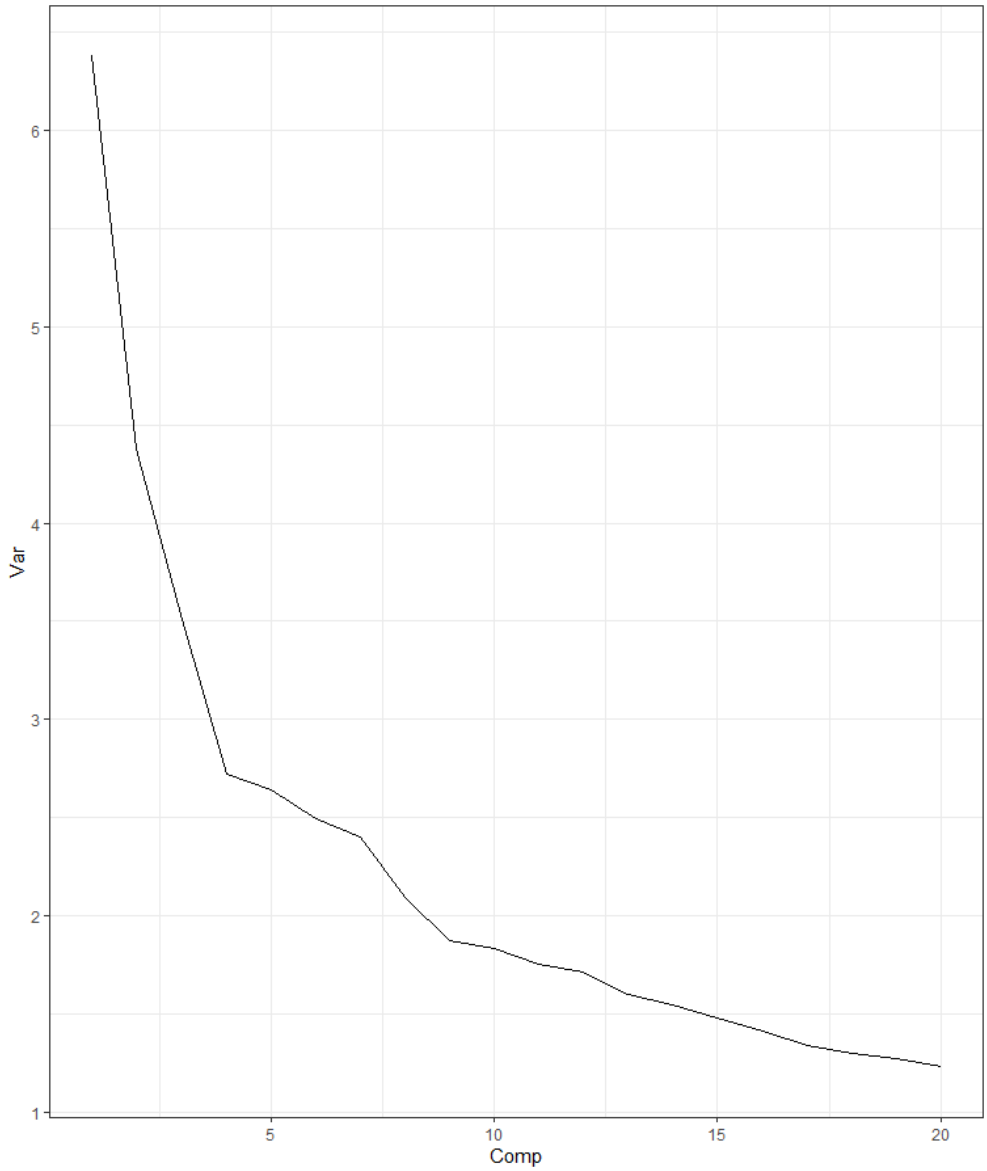


Figura 2-13: Varianza explicada por los 20 primeros componentes principales de las razas que componen Lucerna.

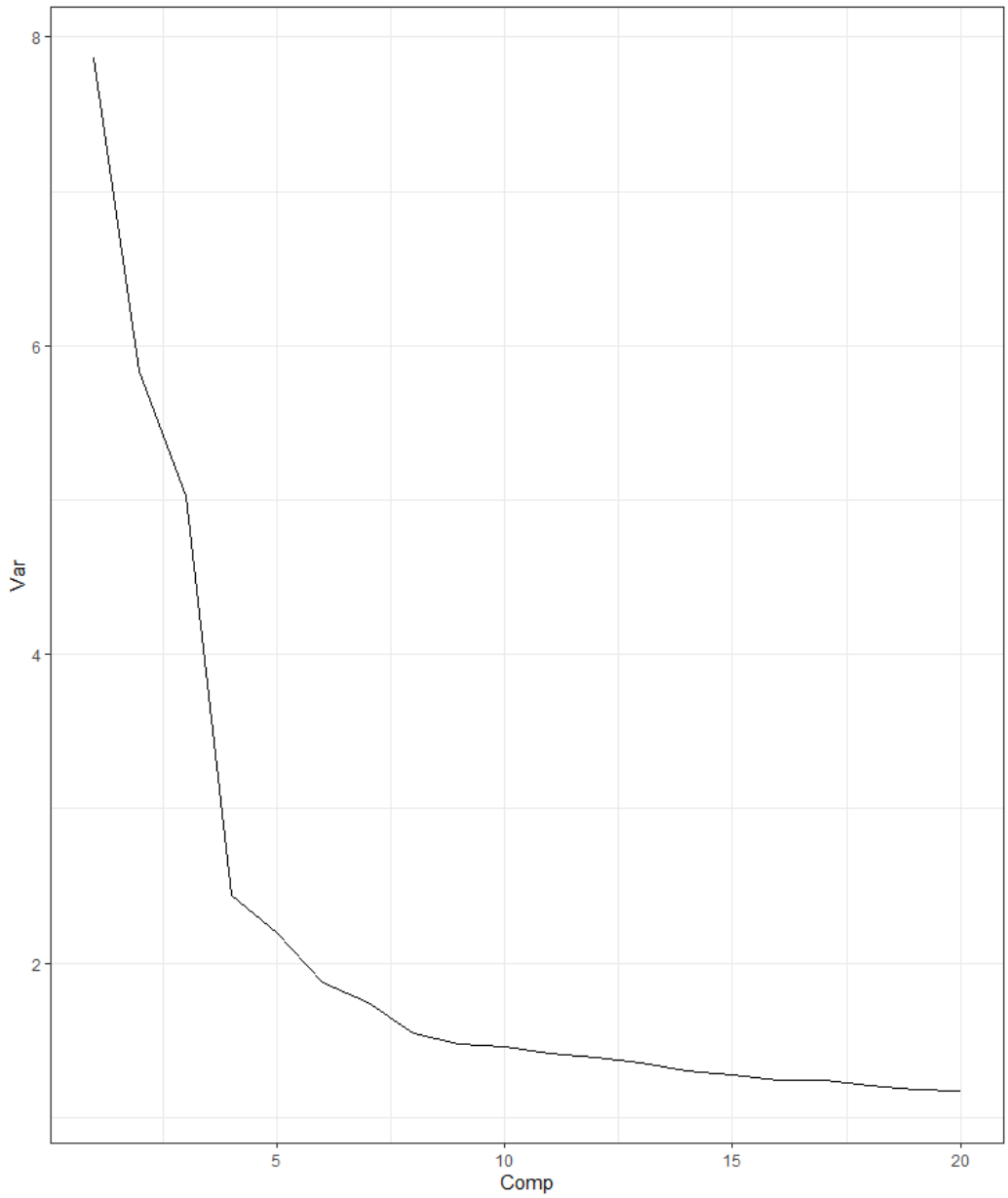


Figura 2-14: Varianza explicada por los 20 primeros componentes principales con todas las razas.

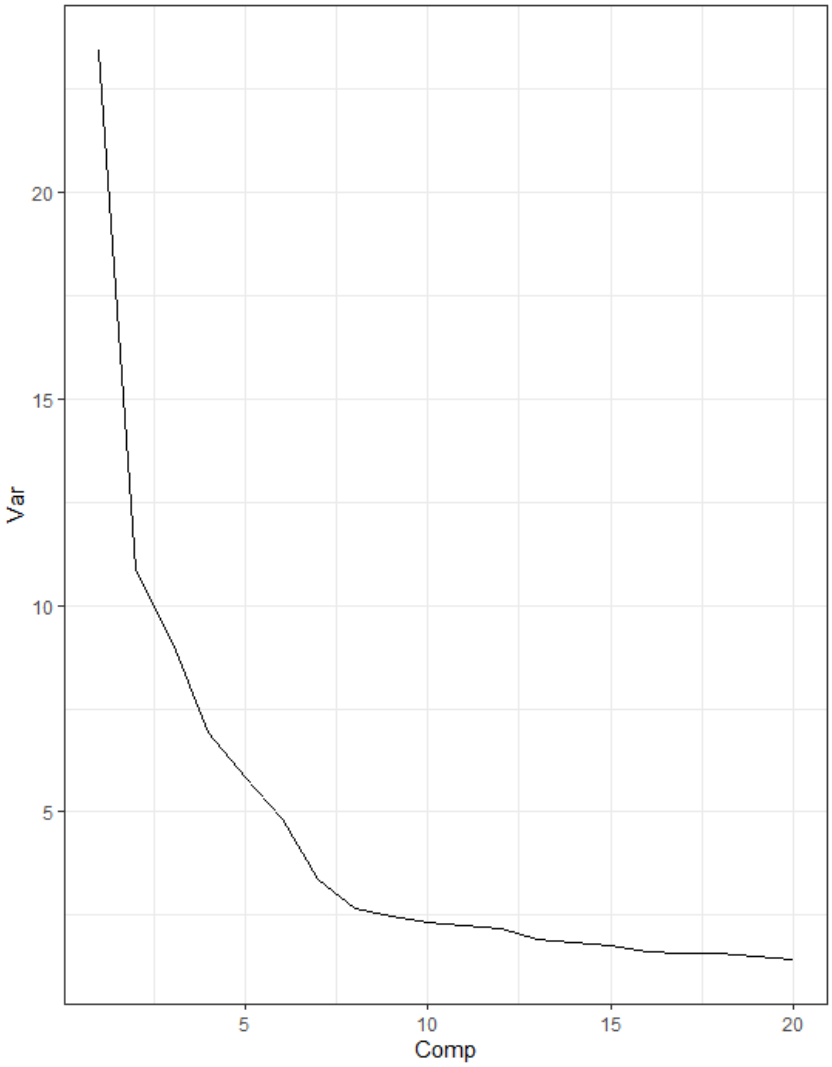


Figura 2-15: Análisis de validación cruzada con K de 2 a 6 poblaciones ancestrales hipotéticas del ganado Holstein (HOL), Hartón del Valle (HV), Lucerna (LUC) y Shorthorn (SHO) mediante análisis de Admixture.

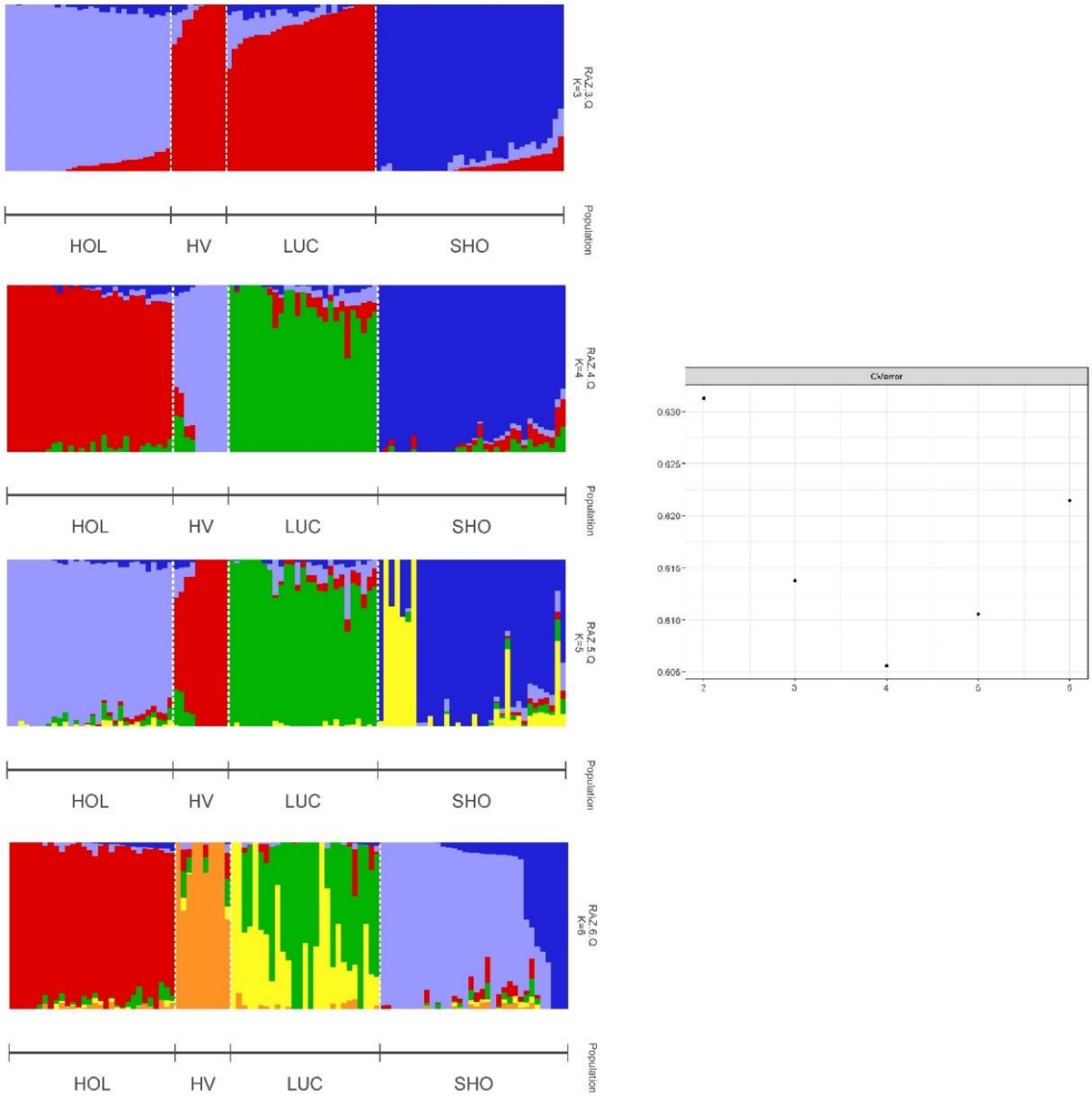
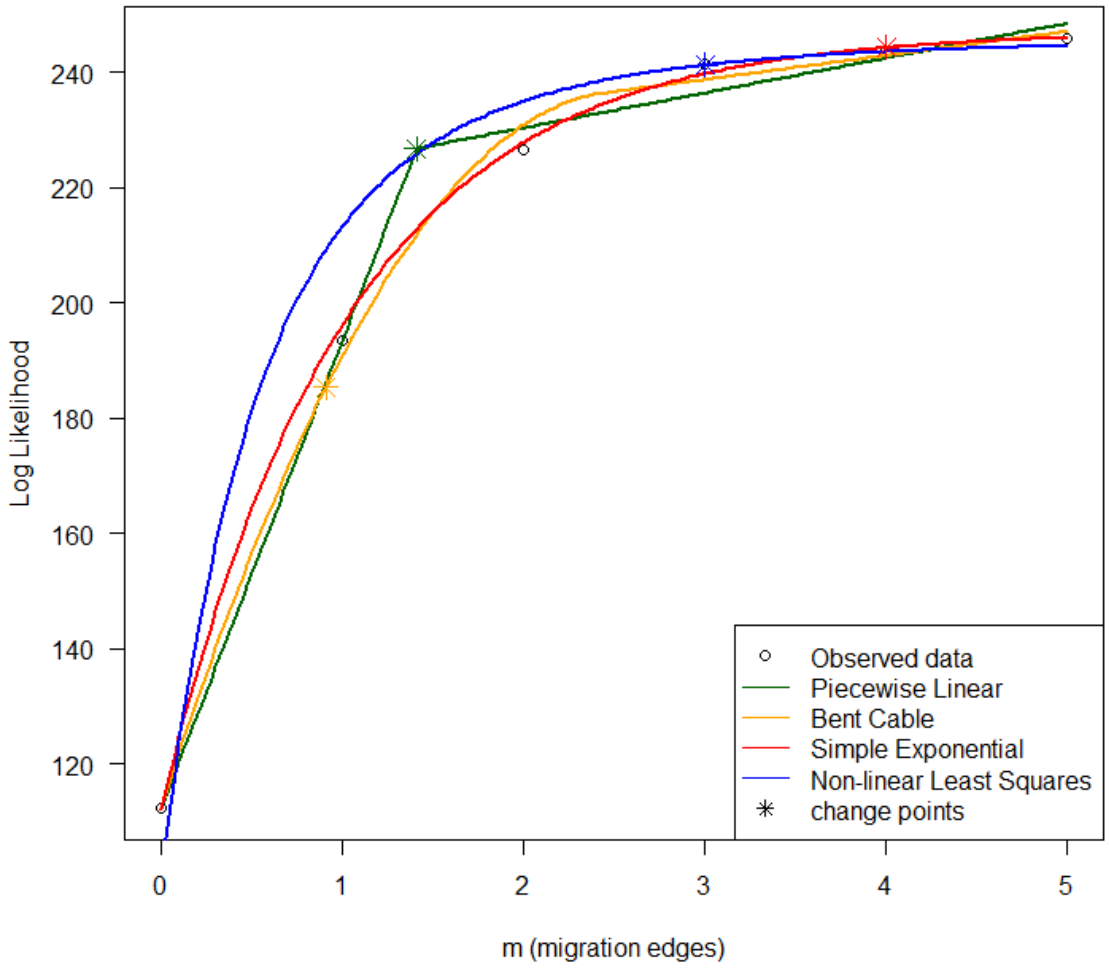


Figura 2-16: Modelo lineal de migraciones



2.7 Referencias

Alexander, D. H., Novembre, J., & Lange, K. (2009). Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. Genome Research, 19(9), 1655–1664. https://doi.org/10.1101/gr.094052.109

Amaya, A., Burgos, W., Martínez, R., & Cerón-Muñoz, M. (2020). Linkage disequilibrium, population stratification and patterns of ancestry in Simmental cattle. Archivos de Zootecnia, 69, 148–154. https://doi.org/10.5061/dryad.th092

Ardlie, K. G., Kruglyak, L., & Seielstad, M. (2002). Patterns of linkage disequilibrium in the human genome. In Nature Reviews Genetics (Vol. 3, Issue 4, pp. 299–309). https://doi.org/10.1038/nrg777

Bejarano, D., Martínez, R., Manrique, C., Parra, L. M., Martínez Rocha, J. F., Gómez, Y., Abuabara, Y., & Gallego, J. (2018). Linkage disequilibrium levels and allele frequency distribution in blanco orejinegro and romosinuano creole cattle using medium density snp chip data. Genetics and Molecular Biology, 41(2), 426–433. https://doi.org/10.1590/1678-4685-gmb-2016-0310

Bejarano G, D., Pedraza L, A., M-Rocha, J. F., & Martínez S, R. (2012). Variabilidad genética en subpoblaciones comerciales de la raza criolla colombiana Romosinuano. Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria, 97–107.

Bjelland, D. W., Weigel, K. A., Vukasinovic, N., & Nkrumah, J. D. (2013). Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding. Journal of Dairy Science, 96(7), 4697–4706. https://doi.org/10.3168/jds.2012-6435

Caivio-Nasner, S., López-Herrera, A., González-Herrera, L. G., & Rincón, J. C. (2021). Diversity analysis, runs of homozygosity and genomic inbreeding reveal recent selection in Blanco Orejinegro cattle. Animal Breeding and Genetics, 613–627.

Corbin, L. J., Liu, A. Y. H., Bishop, S. C., & Woolliams, J. A. (2012). Estimation of historical effective population size using linkage disequilibria with marker data. Journal of Animal Breeding and Genetics, 129(4), 257–270. https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2012.01003.x

Cortes-Hernández, J. G., Ruiz-López, F. J., Vásquez-Peláez, C. G., & García-Ruiz, A. (2022). Runs of homocigosity and its association with productive traits in Mexican

Holstein cattle. PLoS ONE, 17(9 September). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0274743

Decker, J. E., McKay, S. D., Rolf, M. M., Kim, J. W., Molina Alcalá, A., Sonstegard, T. S., Hanotte, O., Götherström, A., Seabury, C. M., Praharani, L., Babar, M. E., Correia de Almeida Regitano, L., Yildiz, M. A., Heaton, M. P., Liu, W. S., Lei, C. Z., Reecy, J. M., Saif-Ur-Rehman, M., Schnabel, R. D., & Taylor, J. F. (2014). Worldwide Patterns of Ancestry, Divergence, and Admixture in Domesticated Cattle. PLoS Genetics, 10(3). https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004254

Eguiarte, L. E., Aguirre-Liguori, J. A., Jardón-Barbolla, L., Aguirre-Planter, E., & Souza, V. (2013). Genómica de poblaciones: Nada en evolución va a tener sentido si no lo es a la luz de la genómica, y nada en genómica tendrá sentido si no es a la luz de la evolución. TIP Revista Especializada En Ciencias Químico-Biológicas, 42(1), 42–56.

Excoffier, L., & Lischer, H. E. L. (2010). Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Molecular Ecology Resources, 10(3), 564–567. https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x

Federación Colombiana de Ganaderos [FEDEGAN]. (2007). Ganadería Colombiana Las Razas.

Ferenčaković, M., Hamzić, E., Gredler, B., Solberg, T. R., Klemetsdal, G., Curik, I., & Sölkner, J. (2013). Estimates of autozygosity derived from runs of homozygosity: Empirical evidence from selected cattle populations. Journal of Animal Breeding and Genetics, 130(4), 286–293. https://doi.org/10.1111/jbg.12012

Fitak, R. R. (2021). OptM: Estimating the optimal number of migration edges on population trees using Treemix. Biology Methods and Protocols, 6(1). https://doi.org/10.1093/biomethods/bpab017

Flori, L., Moazami-Goudarzi, K., Alary, V., Araba, A., Boujenane, I., Boushaba, N., Casabianca, F., Casu, S., Ciampolini, R., Coeur D'Acier, A., Coquelle, C., Delgado, J. V., El-Beltagi, A., Hadjipavlou, G., Jousselin, E., Landi, V., Lauvie, A., Lecomte, P., Ligda, C., … Gautier, M. (2019). A genomic map of climate adaptation in Mediterranean cattle breeds. Molecular Ecology, 28(5), 1009–1029. https://doi.org/10.1111/mec.15004

Freitas, P. H. F., Wang, Y., Yan, P., Oliveira, H. R., Schenkel, F. S., Zhang, Y., Xu, Q., & Brito, L. F. (2021). Genetic Diversity and Signatures of Selection for Thermal Stress in Cattle and Other Two Bos Species Adapted to Divergent Climatic Conditions. Frontiers in Genetics, 12. https://doi.org/10.3389/fgene.2021.604823

Garcia, A. O., Otto, P. I., Glatzl Junior, L. A., Rocha, R. de F. B., dos Santos, M. G., de Oliveira, D. A., da Silva, M. V. G. B., Panetto, J. C. do C., Machado, M. A.,

Verneque, R. da S., & Guimarães, S. E. F. (2023). Pedigree reconstruction and population structure using SNP markers in Gir cattle. Journal of Applied Genetics. https://doi.org/10.1007/s13353-023-00747-x

Gautier, M., Laloë, D., & Moazami-Goudarzi, K. (2010). Insights into the genetic history of French cattle from dense SNP data on 47 worldwide breeds. PLoS ONE, 5(9), 1–11. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0013038

Giovambattista, G., Takeshima, S. nosuke, Ripoli, M. V., Matsumoto, Y., Franco, L. A. A., Saito, H., Onuma, M., & Aida, Y. (2013). Characterization of bovine MHC DRB3 diversity in Latin American Creole cattle breeds. Gene, 519(1), 150–158. https://doi.org/10.1016/j.gene.2013.01.002

Hernández Herrera, D. Y., Muñoz Flórez, J. E., & Álvarez Franco, L. Á. (2015). Genetic diversity of BoLA-DRB3 gene in Colombian creole Hartón del Valle cattle. Revista CES Medicina Veterinaria y Zootecnia, 10(1), 18–30.

Howrigan, D. P., Simonson, M. A., & Keller, M. C. (2011). Detecting autozygosity through runs of homozygosity: A comparison of three autozygosity detection algorithms. BMC Genomics, 12. https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-460

Hu, Y., Xia, H., Li, M., Xu, C., Ye, X., Su, R., Zhang, M., Nash, O., Sonstegard, T. S., Yang, L., Liu, G. E., & Zhou, Y. (2020). Comparative analyses of copy number variations between Bos taurus and Bos indicus. BMC Genomics, 21(1). https://doi.org/10.1186/s12864-020-07097-6

Kamvar, Z. N., Tabima, J. F., & Gŕunwald, N. J. (2014). Poppr: An R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. PeerJ, 2014(1), 1–14. https://doi.org/10.7717/peerj.281

Kassambara, A., & Mundt, F. (2020). Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses • factoextra. https://rpkgs.datanovia.com/factoextra/index.html

Keller, M. C., Visscher, P. M., & Goddard, M. E. (2011). Quantification of inbreeding due to distant ancestors and its detection using dense single nucleotide polymorphism data. Genetics, 189(1), 237–249. https://doi.org/10.1534/genetics.111.130922

Liu, Y., Zhao, G., Lin, X., Zhang, J., Hou, G., Zhang, L., Liu, D., Li, Y., Li, J., & Xu, L. (2022). Genomic inbreeding and runs of homozygosity analysis of indigenous cattle populations in southern China. PLoS ONE, 17(8 August). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0271718

Martínez, A. M., Gama, L. T., Cañón, J., Ginja, C., Delgado, J. V., Dunner, S., Landi, V., Martín-Burriel, I., Penedo, M. C. T., Rodellar, C., Vega-Pla, J. L., Acosta, A., Álvarez, L. A., Camacho, E., Cortés, O., Marques, J. R., Martínez, R., Martínez, R. D., Melucci, L., … Zaragoza, P. (2012). Genetic Footprints of Iberian Cattle in America

500 Years after the Arrival of Columbus. PLoS ONE, 7(11). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0049066

Martínez Correal, G. (2010). Plan nacional de acción para la conservación, mejoramiento y utilización sostenible de los recursos genéticos animales de Colombia.

Martinez, R., Bejarano, D., Ramírez, J., Ocampo, R., Polanco, N., Perez, J. E., Onofre, H. G., & Rocha, J. F. (2023). Genomic variability and population structure of six Colombian cattle breeds. Tropical Animal Health and Production, 55(3). https://doi.org/10.1007/s11250-023-03574-8

Matukumalli, L. K., Lawley, C. T., Schnabel, R. D., Taylor, J. F., Allan, M. F., Heaton, M. P., O'Connell, J., Moore, S. S., Smith, T. P. L., Sonstegard, T. S., & Van Tassell, C. P. (2009). Development and Characterization of a High Density SNP Genotyping Assay for Cattle. PLoS ONE, 4(4). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005350

Moreno, F., Derr, J., Bermúdez, N., Ossa, J., Estrada, L., Scott, D., Bedoya, G., Carvajal, L. G., Zuluaga, F., Berdugo, J., Barrera, J., & Ruíz Linares, A. (2001). Diversidad genética y relaciones filogenéticas del ganado criollo colombiano. Ciencia & Tecnología Agropecuaria, 3(2), 17–23. https://doi.org/10.21930/rcta.vol3_num2_art:183

Naji, M. M., Utsunomiya, Y. T., Sölkner, J., Rosen, B. D., & Mészáros, G. (2021). Assessing Bos taurus introgression in the UOA Bos indicus assembly. Genetics Selection Evolution, 53(1). https://doi.org/10.1186/s12711-021-00688-1

Nayeri, S., Sargolzaei, M., Abo-Ismail, M. K., May, N., Miller, S. P., Schenkel, F., Moore, S. S., & Stothard, P. (2016). Genome-wide association for milk production and female fertility traits in Canadian dairy Holstein cattle. BMC Genetics, 17(1). https://doi.org/10.1186/s12863-016-0386-1

Ocampo Gallego, R. J., Rincón Flórez, J. C., & Bejarano Garavito, D. H. (2021). Genomic characterization of the nucleus for conservation of the Chino Santandereano breed using SNP markers. Tropical Animal Health and Production, 53(5). https://doi.org/10.1007/s11250-021-02936-4

Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO]. (2013). In vivo conservation of animal genetic resources.

Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO]. (2015). Los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura (p. 16).

Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO]. (2023a). Genomic characterization of animal genetic resources. In Genomic characterization of animal genetic resources. FAO. https://doi.org/10.4060/cc3079en

Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO]. (2023b). Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (DAD-IS). https://www.fao.org/dad-is/es/

Pereira Verdugo, M., Mullin, V. E., Scheu, A., Mattiangeli, V., Daly, K. G., Maisano Delser, P., Hare, A. J., Burger, J., Collins, M. J., Kehati, R., Hesse, P., Fulton, D., Sauer, E. W., Mohaseb, F. A., Davoudi, H., Khazaeli, R., Lhuillier, J., Rapin, C., Ebrahimi, S., … Bradley, D. G. (2019). Ancient cattle genomics, origins, and rapid turnover in the Fertile Crescent. In Chaido Koukouli-Chrysanthaki (Vol. 23). https://www.science.org

Pérez O'Brien, A. M., Utsunomiya, Y. T., Mészáros, G., Bickhart, D. M., Liu, G. E., Van Tassell, C. P., Sonstegard, T. S., Da Silva, M. V., Fernando Garcia, J., & Sölkner, J. (2014). Assessing signatures of selection through variation in linkage disequilibrium between taurine and indicine cattle. http://www.gsejournal.org/content/46/1/19

Pitt, D., Bruford, M. W., Barbato, M., Orozco-terWengel, P., Martínez, R., & Sevane, N. (2019). Demography and rapid local adaptation shape Creole cattle genome diversity in the tropics. Evolutionary Applications, 12(1), 105–122. https://doi.org/10.1111/eva.12641

Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M. A. R., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., De Bakker, P. I. W., Daly, M. J., & Sham, P. C. (2007). PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. American Journal of Human Genetics, 81(3), 559–575. https://doi.org/10.1086/519795

R Core Team. (2023). R: A language and environment for etatistical computing. https://www.r-project.org/

Rodríguez-Ramilo, S. T., Fernández, J., Toro, M. A., Hernández, D., & Villanueva, B. (2015). Genome-Wide estimates of coancestry, inbreeding and effective population size in the spanish holstein population. PLoS ONE, 10(4). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0124157

Solé, X., Guinó, E., Valls, J., Iniesta, R., & Moreno, V. (2006). SNPStats: A web tool for the analysis of association studies. Bioinformatics, 22(15), 1928–1929. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btl268

Thomasen, J. R., Sørensen, A. C., Su, G., Madsen, P., Lund, M. S., & Guldbrandtsen, B. (2013). The admixed population structure in Danish Jersey dairy cattle challenges accurate genomic predictions. Journal of Animal Science, 91(7), 3105–3112. https://doi.org/10.2527/jas.2012-5490

Vargas, J., Landi, V., Martínez, A., Gómez, M., Camacho, M. E., Álvarez, L. Á., Aguirre, L., & Delgado, J. V. (2016). Molecular study of the amazonian Macabea cattle history. PLoS ONE, 11(10). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0165398

Wickham, H. (2009). ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. In ggplot2. Springer New York. https://doi.org/10.1007/978-0-387-98141-3

Zhang, W., Gao, X., Zhang, Y., Zhao, Y., Zhang, J., Jia, Y., Zhu, B., Xu, L., Zhang, L., Gao, H., Li, J., & Chen, Y. (2018). Genome-wide assessment of genetic diversity and population structure insights into admixture and introgression in Chinese indigenous cattle. BMC Genetics, 19(1). https://doi.org/10.1186/s12863-018-0705-9

3. Conclusiones y recomendaciones

3.1 Conclusiones

Las características evaluadas presentaron buen desempeño tanto productivo como reproductivo para el ganado Lucerna, los datos del estudio señalan una destacada eficiencia en cuanto a la producción de leche, es un indicativo positivo en términos de productividad lechera. Además, presentó un intervalo entre partos cercano al ideal productivo, aspecto muy positivo también, ya que demuestra una buena capacidad reproductiva de la raza.

Las características evaluadas tienen heredabilidades medias a bajas lo cual indica una alta influencia ambiental, por lo que se espera que el progreso genético sea lento para estas características. Por otra parte, existe poca correlación genética entre PTL e IEP, por lo tanto, mejorar una característica no afectaría de manera simultánea a la otra.

El análisis de las tendencias genéticas para ambas características, fueron cercanas a cero, esto indica que, a lo largo del período de tiempo evaluado no hubo un cambio significativo en el valor genético de estas características en la población estudiada. Por otro lado, las tendencias fenotípicas para PTL e IEP presentaron oscilaciones durante el mismo período de tiempo.

El estudio reveló que la raza Lucerna presenta una mayor diversidad genética en comparación con la población Hartón del Valle. Esto sugiere que Lucerna tiene una base genética más amplia y variada, lo que permite ser utilizada en programas de mejora genética. En la población HV, presenta una menor diversidad genética en comparación con Lucerna. Ambas razas mostraron fragmentos homocigóticos largos, lo que indica la presencia de endogamia reciente en ambas poblaciones. A pesar de que Lucerna es una raza sintética, el estudio muestra que sus características genéticas se han estabilizado lo

suficiente para ser considerada como una raza independiente. Además, se observó una impronta genómica y poca introgresión de otras razas en la población evaluada.

3.2 Recomendaciones

Se sugiere implementar un programa de selección basado en valores genéticos predichos para las características PTL e IEP, con el objetivo de mejorar el valor genético de ambas características en el ganado Lucerna. Dado que las heredabilidades son medias-bajas, se advierte que se requerirán varias generaciones para ver efectos significativos en la mejora de estas características, por lo que se insta a establecer el programa de selección a lo largo del tiempo. Considerando el buen desempeño productivo y reproductivo de la raza, se enfatiza la importancia de mantener y mejorar estos rasgos mediante el programa de selección propuesto para asegurar la sostenibilidad y competitividad del ganado Lucerna en el futuro.

Dado que la población HV mostró una menor diversidad genética en comparación con Lucerna, es fundamental evaluar la diversidad genómica total que existe en el país, con el fin de proteger y aprovechar este patrimonio genético. Por otra parte, se deben establecer programas de control de endogamia que eviten la consanguinidad excesiva y promuevan la introducción de nuevos genes a través de cruzamientos con otras poblaciones de ganado Hartón del Valle.

Se recomienda enfocarse en la selección de individuos con características genéticas deseables dentro de la población de Lucerna para mejorar rasgos específicos y aumentar el valor productivo y adaptativo de la raza.

Es importante monitorear continuamente la diversidad genética y la estructura poblacional de ambas razas. Realizar análisis periódicos permitirá evaluar cualquier cambio en la diversidad y detectar posibles problemas de endogamia o pérdida de variabilidad genética a tiempo, para tomar medidas correctivas adecuadas.

Es importante difundir los resultados del estudio, resaltando la importancia de la conservación de la diversidad genética en las razas criollas de ganado. Informar a los

criadores, productores y tomadores de decisiones sobre los hallazgos del estudio puede aumentar la comprensión y el apoyo a la conservación de estas razas.

Referencias

Acuña, J., Domínguez, A., & Toro, E. (2012). Una comparación entre métodos estadísticos clásicos y técnicas metaheurísticas en el modelamiento estadístico. Scientia et Technica, 68–77.

Alexander, D. H., Novembre, J., & Lange, K. (2009). Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. Genome Research, 19(9), 1655–1664. https://doi.org/10.1101/gr.094052.109

Amaya, A., Burgos, W., Martínez, R., & Cerón-Muñoz, M. (2020). Linkage disequilibrium, population stratification and patterns of ancestry in Simmental cattle. Archivos de Zootecnia, 69, 148–154. https://doi.org/10.5061/dryad.th092

Arcesio Salamanca, C., Mauricio Vélez, T., & Jannet Bentez, M. (2017). Non-genetpic effects on reproduction in crossbreed cows with Bos indicus redominance in the municipality of Arauca, Colombia. Revista de Investigaciones Veterinarias Del Peru, 28(1), 101–109. https://doi.org/10.15381/rivep.v28i1.11749

Ardlie, K. G., Kruglyak, L., & Seielstad, M. (2002). Patterns of linkage disequilibrium in the human genome. In Nature Reviews Genetics (Vol. 3, Issue 4, pp. 299–309). https://doi.org/10.1038/nrg777

Atashi, H., Salavati, M., De Koster, J., Ehrlich, J., Crowe, M., Opsomer, G., Hostens, M., McLoughlin, N., Fahey, A., Matthews, E., Santoro, A., Byrne, C., Rudd, P., O'Flaherty, R., Hallinan, S., Wathes, C., Cheng, Z., Fouladi, A., Pollott, G., … Marchitelli, C. (2020). Genome-wide association for milk production and lactation curve parameters in Holstein dairy cows. Journal of Animal Breeding and Genetics, 137(3), 292–304. https://doi.org/10.1111/jbg.12442

Bejarano, D., Martínez, R., Manrique, C., Parra, L. M., Martínez Rocha, J. F., Gómez, Y., Abuabara, Y., & Gallego, J. (2018). Linkage disequilibrium levels and allele frequency distribution in blanco orejinegro and romosinuano creole cattle using medium density snp chip data. Genetics and Molecular Biology, 41(2), 426–433. https://doi.org/10.1590/1678-4685-gmb-2016-0310

Bejarano G, D., Pedraza L, A., M-Rocha, J. F., & Martínez S, R. (2012). Variabilidad genética en subpoblaciones comerciales de la raza criolla colombiana Romosinuano. Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria, 97–107.

Berry, D. P., Friggens, N. C., Lucy, M., & Roche, J. R. (2016). Milk production and fertility in cattle. Annual Review of Animal Biosciences, 4, 269–290. https://doi.org/10.1146/annurev-animal-021815-111406

Bjelland, D. W., Weigel, K. A., Vukasinovic, N., & Nkrumah, J. D. (2013). Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding. Journal of Dairy Science, 96(7), 4697–4706. https://doi.org/10.3168/jds.2012-6435

Caivio-Nasner, S. L., López-Herrera, A., González-Herrera, L. G., & Flórez, J. C. R. (2021). Genetic parameters and trends for reproductive traits in Blanco Orejinegro cattle from Colombia. Semina:Ciencias Agrarias, 42(4), 2523–2537. https://doi.org/10.5433/1679-0359.2021v42n4p2523

Caivio-Nasner, S., López-Herrera, A., González-Herrera, L. G., & Rincón, J. C. (2021). Diversity analysis, runs of homozygosity and genomic inbreeding reveal recent selection in Blanco Orejinegro cattle. Animal Breeding and Genetics, 613–627.

Carvalheira, J. G. V., Blake, R. W., Pollak, E. J., Quaas, R. L., & Duran-Castro, C. V. (1998). Application of an Autoregressive Process to Estimate Genetic Parameters and Breeding Values for Daily Milk Yield in a Tropical Herd of Lucerna Cattle and in United States Holstein Herds. Journal of Dairy Science, 81(10), 2738–2751. https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(98)75831-X

Corbin, L. J., Liu, A. Y. H., Bishop, S. C., & Woolliams, J. A. (2012). Estimation of historical effective population size using linkage disequilibria with marker data. Journal of Animal Breeding and Genetics, 129(4), 257–270. https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2012.01003.x

Cortes-Hernández, J. G., Ruiz-López, F. J., Vásquez-Peláez, C. G., & García-Ruiz, A. (2022). Runs of homocigosity and its association with productive traits in Mexican Holstein cattle. PLoS ONE, 17(9 September). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0274743

Decker, J. E., McKay, S. D., Rolf, M. M., Kim, J. W., Molina Alcalá, A., Sonstegard, T. S., Hanotte, O., Götherström, A., Seabury, C. M., Praharani, L., Babar, M. E., Correia de Almeida Regitano, L., Yildiz, M. A., Heaton, M. P., Liu, W. S., Lei, C. Z., Reecy, J. M., Saif-Ur-Rehman, M., Schnabel, R. D., & Taylor, J. F. (2014). Worldwide Patterns of Ancestry, Divergence, and Admixture in Domesticated Cattle. PLoS Genetics, 10(3). https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004254

Dominguez-Castaño, P., Vargas de Oliveira, M. H., El Faro, L., & de Vasconcelos Silva, J. A. (2020). Relationship between reproductive and productive traits in Holstein cattle using multivariate analysis. Reproduction in Domestic Animals, 55(7), 770–776. https://doi.org/10.1111/rda.13679

Durán, C. (1970). Breve historia de la formación de la raza de ganado Lucerna. Agricultura Tropical.

Durán, C., & Manrique, L. (1999). Potencial genético y productivo de la raza bovina de doble propósito Lucerna. 104–117.

Eguiarte, L. E., Aguirre-Liguori, J. A., Jardón-Barbolla, L., Aguirre-Planter, E., & Souza, V. (2013). Genómica de poblaciones: Nada en evolución va a tener sentido si no lo es a la luz de la genómica, y nada en genómica tendrá sentido si no es a la luz de la evolución. TIP Revista Especializada En Ciencias Químico-Biológicas, 42(1), 42–56.

Elzo, M., & Vergara, O. (2012). Modelos animales con efectos maternos, de ambiente común y de dominancia. In Modelación aplicada a las ciencias animales: II. Evaluaciones genéticas (Vol. 2, p. 136).

Excoffier, L., & Lischer, H. E. L. (2010). Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. Molecular Ecology Resources, 10(3), 564–567. https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02847.x

Federación Colombiana de Ganaderos [FEDEGAN]. (2007). Ganadería Colombiana Las Razas.

Federación Colombiana de Ganaderos [FEDEGAN]. (2014). Raza gyr: ideal para la producción de leche en climas cálidos | Fedegán. https://www.fedegan.org.co/noticias/raza-gyr-ideal-para-la-produccion-de-leche-en-climas-calidos

Ferenčaković, M., Hamzić, E., Gredler, B., Solberg, T. R., Klemetsdal, G., Curik, I., & Sölkner, J. (2013). Estimates of autozygosity derived from runs of homozygosity: Empirical evidence from selected cattle populations. Journal of Animal Breeding and Genetics, 130(4), 286–293. https://doi.org/10.1111/jbg.12012

Ferro, D., Gil, J., Jiménez, A., Manrique, C., & Martínez, C. A. (2022). Estimation of lactation curves of Gyr cattle and some associated production parameters in the Colombian low tropic. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, 35(1), 3–13. https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v35n1a01

Fitak, R. R. (2021). OptM: Estimating the optimal number of migration edges on population trees using Treemix. Biology Methods and Protocols, 6(1). https://doi.org/10.1093/biomethods/bpab017

Flori, L., Moazami-Goudarzi, K., Alary, V., Araba, A., Boujenane, I., Boushaba, N., Casabianca, F., Casu, S., Ciampolini, R., Coeur D'Acier, A., Coquelle, C., Delgado, J. V., El-Beltagi, A., Hadjipavlou, G., Jousselin, E., Landi, V., Lauvie, A., Lecomte,

P., Ligda, C., … Gautier, M. (2019). A genomic map of climate adaptation in Mediterranean cattle breeds. Molecular Ecology, 28(5), 1009–1029. https://doi.org/10.1111/mec.15004

Freitas, P. H. F., Wang, Y., Yan, P., Oliveira, H. R., Schenkel, F. S., Zhang, Y., Xu, Q., & Brito, L. F. (2021). Genetic Diversity and Signatures of Selection for Thermal Stress in Cattle and Other Two Bos Species Adapted to Divergent Climatic Conditions. Frontiers in Genetics, 12. https://doi.org/10.3389/fgene.2021.604823

Galeano, A., & Manrique, C. (2010). Estimación de parámetros genéticos para características productivas y reproductivas en los sistemas doble propósito del trópico bajo colombiano. Rev. Med. Vet. Zoot.

Garcia, A. O., Otto, P. I., Glatzl Junior, L. A., Rocha, R. de F. B., dos Santos, M. G., de Oliveira, D. A., da Silva, M. V. G. B., Panetto, J. C. do C., Machado, M. A., Verneque, R. da S., & Guimarães, S. E. F. (2023). Pedigree reconstruction and population structure using SNP markers in Gir cattle. Journal of Applied Genetics. https://doi.org/10.1007/s13353-023-00747-x

Gatica, C. (2020). Índice de Selección EBI: ¿Qué Mejorar y Cómo Mejorar a través de la Genética de Nuestro Rebaño? Agrocolun. https://agrocolun.cl/indice-de-seleccion-ebi-que-mejorar-y-como-mejorar-a-traves-de-la-genetica-de-nuestro-rebano/

Gautier, M., Laloë, D., & Moazami-Goudarzi, K. (2010). Insights into the genetic history of French cattle from dense SNP data on 47 worldwide breeds. PLoS ONE, 5(9), 1–11. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0013038

Giovambattista, G., Takeshima, S. nosuke, Ripoli, M. V., Matsumoto, Y., Franco, L. A. A., Saito, H., Onuma, M., & Aida, Y. (2013). Characterization of bovine MHC DRB3 diversity in Latin American Creole cattle breeds. Gene, 519(1), 150–158. https://doi.org/10.1016/j.gene.2013.01.002

Hernández Herrera, D. Y., Muñoz Flórez, J. E., & Álvarez Franco, L. Á. (2015). Genetic diversity of BoLA-DRB3 gene in Colombian creole Hartón del Valle cattle. Revista CES Medicina Veterinaria y Zootecnia, 10(1), 18–30.

Hidalgo Vásquez, Y. N., García Salas, M. E. C., Gutiérrez Reynoso, G. A., & Chagray Ameri, N. H. (2021). Genetic and phenotypic trend of milk production: The case of a commercial herd in the Huaura Valley, Peru. Ciencia Tecnologia Agropecuaria, 22(1). https://doi.org/10.21930/RCTA.VOL22_NUM1_ART:1892

Howrigan, D. P., Simonson, M. A., & Keller, M. C. (2011). Detecting autozygosity through runs of homozygosity: A comparison of three autozygosity detection algorithms. BMC Genomics, 12. https://doi.org/10.1186/1471-2164-12-460

Hu, Y., Xia, H., Li, M., Xu, C., Ye, X., Su, R., Zhang, M., Nash, O., Sonstegard, T. S., Yang, L., Liu, G. E., & Zhou, Y. (2020). Comparative analyses of copy number

variations between Bos taurus and Bos indicus. BMC Genomics, 21(1). https://doi.org/10.1186/s12864-020-07097-6

Kamvar, Z. N., Tabima, J. F., & Gřunwald, N. J. (2014). Poppr: An R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. PeerJ, 2014(1), 1–14. https://doi.org/10.7717/peerj.281

Kassambara, A., & Mundt, F. (2020). Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses • factoextra. https://rpkgs.datanovia.com/factoextra/index.html

Keller, M. C., Visscher, P. M., & Goddard, M. E. (2011). Quantification of inbreeding due to distant ancestors and its detection using dense single nucleotide polymorphism data. Genetics, 189(1), 237–249. https://doi.org/10.1534/genetics.111.130922

Liu, Y., Zhao, G., Lin, X., Zhang, J., Hou, G., Zhang, L., Liu, D., Li, Y., Li, J., & Xu, L. (2022). Genomic inbreeding and runs of homozygosity analysis of indigenous cattle populations in southern China. PLoS ONE, 17(8 August). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0271718

López Martínez, J. L., Quijano Bernal, J. H., & González Herrera, L. G. (2019). Estimation of genetics parameters for test day and 305 day milk yield in first lactations of Lucerna cows. Livestock Research for Rural Development . http://www.lrrd.org/lrrd31/11/luggo31179.html

Mahecha, L., Angulo, J., & Mnrique, L. (2002). Estudio bovinométrico y relaciones entre medidas corporales y el peso vivo en la raza Lucerna. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, 15(1), 80–87.

Martínez, A. M., Gama, L. T., Cañón, J., Ginja, C., Delgado, J. V., Dunner, S., Landi, V., Martín-Burriel, I., Penedo, M. C. T., Rodellar, C., Vega-Pla, J. L., Acosta, A., Álvarez, L. A., Camacho, E., Cortés, O., Marques, J. R., Martínez, R., Martínez, R. D., Melucci, L., … Zaragoza, P. (2012). Genetic Footprints of Iberian Cattle in America 500 Years after the Arrival of Columbus. PLoS ONE, 7(11). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0049066

Martínez Correal, G. (2010). Plan nacional de acción para la conservación, mejoramiento y utilización sostenible de los recursos genéticos animales de Colombia.

Martinez, R., Bejarano, D., Ramírez, J., Ocampo, R., Polanco, N., Perez, J. E., Onofre, H. G., & Rocha, J. F. (2023). Genomic variability and population structure of six Colombian cattle breeds. Tropical Animal Health and Production, 55(3). https://doi.org/10.1007/s11250-023-03574-8

Martínez S, R., Vásquez R, R. E., Gallego G, J. L., Gómez V, Y., Moreno O, F., Fernández, J. C., Tobón C, J., Neira S, J., Córdoba, S. L., Maldonado, J. G., Trujillo,

L. E., Pedraza, A., M-Rocha, J. F., García, D., Onofre R, G., Pérez G, J., Cañón, J., Lucero C, C., Lopera, J. J., & Quiceno A, J. (2012). Eficiencia productiva de la raza Bon en el trópico colombiano. Corpoica.

Martínez-Villate, G. C., Martínez-Correal, G., & Manrique-Perdomo, C. (2009). Genetic parameter estimates of age at first calving and calving interval of Creole Sanmartinero (SM) cows. Red de Revistas Científicas de América Latina El Caribe, España y Portugal, 113–125.

Matukumalli, L. K., Lawley, C. T., Schnabel, R. D., Taylor, J. F., Allan, M. F., Heaton, M. P., O'Connell, J., Moore, S. S., Smith, T. P. L., Sonstegard, T. S., & Van Tassell, C. P. (2009). Development and Characterization of a High Density SNP Genotyping Assay for Cattle. PLoS ONE, 4(4). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0005350

Misztal, I., Tsuruta, S., Lourenco, D., Aguilar, I., Legarra, A., & Vitezica, Z. (2015). Manual for BLUPF90 family of programs.

Moreno, F., Derr, J., Bermúdez, N., Ossa, J., Estrada, L., Scott, D., Bedoya, G., Carvajal, L. G., Zuluaga, F., Berdugo, J., Barrera, J., & Ruíz Linares, A. (2001). Diversidad genética y relaciones filogenéticas del ganado criollo colombiano. Ciencia & Tecnología Agropecuaria, 3(2), 17–23. https://doi.org/10.21930/rcta.vol3_num2_art:183

Motta Delgado, P. A., Rivera Calderón, L. G., Mariño Aldana, A., & Lizcano Penagos, C. E. (2012). Desempeño productivo y reproductivo de vacas F1 Gyr x Holstein en clima cálido colombiano Productive and reproductive performance of F1 Gyr x Holstein cows in Colombian warm climate.

Naji, M. M., Utsunomiya, Y. T., Sölkner, J., Rosen, B. D., & Mészáros, G. (2021). Assessing Bos taurus introgression in the UOA Bos indicus assembly. Genetics Selection Evolution, 53(1). https://doi.org/10.1186/s12711-021-00688-1

Nayeri, S., Sargolzaei, M., Abo-Ismail, M. K., May, N., Miller, S. P., Schenkel, F., Moore, S. S., & Stothard, P. (2016). Genome-wide association for milk production and female fertility traits in Canadian dairy Holstein cattle. BMC Genetics, 17(1). https://doi.org/10.1186/s12863-016-0386-1

Ocampo Gallego, R. J., Rincón Flórez, J. C., & Bejarano Garavito, D. H. (2021). Genomic characterization of the nucleus for conservation of the Chino Santandereano breed using SNP markers. Tropical Animal Health and Production, 53(5). https://doi.org/10.1007/s11250-021-02936-4

Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO]. (2013). In vivo conservation of animal genetic resources.

Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO]. (2015). Los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura (p. 16).

Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO]. (2018). Breed data sheet | Lucerna / Colombia (Cattle) | Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS) | Food and Agriculture Organization of the United Nations. https://www.fao.org/dad-is/browse-by-country-and-species/en/

Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO]. (2023a). Genomic characterization of animal genetic resources. In Genomic characterization of animal genetic resources. FAO. https://doi.org/10.4060/cc3079en

Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación [FAO]. (2023b). Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (DAD-IS). https://www.fao.org/dad-is/es/

Ossa, G., López, J., Bernal, J., Santana, M., & Garcés, J. (2021). Retrospective analysis of reproductive traits in Colombian Romosinuano creole bovine females. Ciencia Tecnologia Agropecuaria, 22(1), 1–15. https://doi.org/10.21930/RCTA.VOL22_NUM1_ART:1804

Ossa Saraz, G. A., Lòpez Martínez, J. L., Hernández Barajas, F., Santana Rodríguez, M. O., & Garcés Blanquiceth, J. L. (2021). Estimation of calving interval heritability in Romosinuano cattle using a generalized linear mixed model. Ciencia Tecnologia Agropecuaria, 22(2). https://doi.org/10.21930/RCTA.VOL22_NUM2_ART:1861

Pereira Verdugo, M., Mullin, V. E., Scheu, A., Mattiangeli, V., Daly, K. G., Maisano Delser, P., Hare, A. J., Burger, J., Collins, M. J., Kehati, R., Hesse, P., Fulton, D., Sauer, E. W., Mohaseb, F. A., Davoudi, H., Khazaeli, R., Lhuillier, J., Rapin, C., Ebrahimi, S., … Bradley, D. G. (2019). Ancient cattle genomics, origins, and rapid turnover in the Fertile Crescent. In Chaido Koukouli-Chrysanthaki (Vol. 23). https://www.science.org

Pérez O'Brien, A. M., Utsunomiya, Y. T., Mészáros, G., Bickhart, D. M., Liu, G. E., Van Tassell, C. P., Sonstegard, T. S., Da Silva, M. V., Fernando Garcia, J., & Sölkner, J. (2014). Assessing signatures of selection through variation in linkage disequilibrium between taurine and indicine cattle. http://www.gsejournal.org/content/46/1/19

Piñeira, J., Riveros, J., & Felmer, R. (2009). Herramientas de última generación para mejoramiento genético animal y selección de reproductores.

Pitt, D., Bruford, M. W., Barbato, M., Orozco-terWengel, P., Martínez, R., & Sevane, N. (2019). Demography and rapid local adaptation shape Creole cattle genome diversity in the tropics. Evolutionary Applications, 12(1), 105–122. https://doi.org/10.1111/eva.12641

Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M. A. R., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., De Bakker, P. I. W., Daly, M. J., & Sham, P. C. (2007). PLINK: A tool

set for whole-genome association and population-based linkage analyses. American Journal of Human Genetics, 81(3), 559–575. https://doi.org/10.1086/519795

R Core Team. (2023). R: A language and environment for etatistical computing. https://www.r-project.org/

Restrepo Jiménez, A. N. (2014). Estimación de parámetros genéticos para la stayability y su asociación con otras características de interés económico en la raza colombiana Lucerna [Universidad Tecnológica de Pereira]. https://repositorio.utp.edu.co/handle/11059/4678

Rincón, J., Zambrano, J., & Echeverri, J. (2015). Estimation of genetic and phenotypic parameters for production traits in Holstein and Jersey from Colombia. Rev. MVZ Córdoba, 4962–4973.

Rocha, J., Gallego, J., Vásquez, R., Pedraza, J., Echeverri, J., Cerón, M., & Martínez, R. (2012). Estimation of genetic parameters for age at ® rst calving and calving interval in Blanco Orejinegro (BON) breed cattle populations in Colombia. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, 220–228.

Rodríguez-Ramilo, S. T., Fernández, J., Toro, M. A., Hernández, D., & Villanueva, B. (2015). Genome-Wide estimates of coancestry, inbreeding and effective population size in the spanish holstein population. PLoS ONE, 10(4). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0124157

Solé, X., Guinó, E., Valls, J., Iniesta, R., & Moreno, V. (2006). SNPStats: A web tool for the analysis of association studies. Bioinformatics, 22(15), 1928–1929. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btl268

Taye, M., Yoon, J., Dessie, T., Cho, S., Oh, S. J., Lee, H. K., & Kim, H. (2018). Deciphering signature of selection affecting beef quality traits in Angus cattle. Genes and Genomics, 40(1), 63–75. https://doi.org/10.1007/s13258-017-0610-z

Thomasen, J. R., Sørensen, A. C., Su, G., Madsen, P., Lund, M. S., & Guldbrandtsen, B. (2013). The admixed population structure in Danish Jersey dairy cattle challenges accurate genomic predictions. Journal of Animal Science, 91(7), 3105–3112. https://doi.org/10.2527/jas.2012-5490

Vargas, J., Landi, V., Martínez, A., Gómez, M., Camacho, M. E., Álvarez, L. Á., Aguirre, L., & Delgado, J. V. (2016). Molecular study of the amazonian Macabea cattle history. PLoS ONE, 11(10). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0165398

Vergara, O. G., Cardona, R. R., Valencia, D. H., Almanza, R. L., & Rugeles, C. P. (2016). Heredabilidades y tendencias genéticas para características reproductivas en una población de ganado cruzado. Rev Colombiana Cienc Anim, 8(1), 44–50. http://www.recia.edu.co

Wickham, H. (2009). ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis. In ggplot2. Springer New York. https://doi.org/10.1007/978-0-387-98141-3

Zambrano, J. C., Rincón, J. C., & Echeverry, J. J. (2014). Parámetros genéticos para caracteres productivos y reproductivos en Holstein y Jersey Colombiano. In Arch. Zootec (Vol. 63, Issue 243).

Zhang, W., Gao, X., Zhang, Y., Zhao, Y., Zhang, J., Jia, Y., Zhu, B., Xu, L., Zhang, L., Gao, H., Li, J., & Chen, Y. (2018). Genome-wide assessment of genetic diversity and population structure insights into admixture and introgression in Chinese indigenous cattle. BMC Genetics, 19(1). https://doi.org/10.1186/s12863-018-0705-9