

UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CENTRO DEL PERÚ
ESCUELA DE POSGRADO
UNIDAD DE POSGRADO DE LA FACULTAD DE CIENCIAS
AGRARIAS



TESIS

**SOSTENIBILIDAD DEL GENOMA DE LOS BOVINOS DE
LA ESTACIÓN EXPERIMENTAL AGROPECUARIA
SATIPO**

PRESENTADA POR:

Javier Hugo CONTRERAS RODRÍGUEZ

**PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE:
MAESTRO EN DESARROLLO SOSTENIBLE**

**MENCIÓN EN MEDIO AMBIENTE Y GESTION DEL
TERRITORIO**

**SATIPO, PERU
2018**

DEDICATORIA

A Dios Por haberme permitido llegar hasta este punto y haberme dado salud para lograr mis objetivos, a mis padres José y María por orientarme y brindarme todo su amor; y a mis estimados hermanos. Ya que sin ellos no superaría los momentos más difíciles de mi vida.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco de manera especial a las personas que incondicionalmente me tendieron la mano en el momento oportuno:

- Al M. Sc. Luis Bazán Alonzo, por su asesoramiento.
- Al Biólogo del IBT - UNALM Cesar López Bonilla, por su tutoría.

Con sinceridad ¡GRACIAS!

ÍNDICE

Contenido	Pag.
RESUMEN	
I. INTRODUCCIÓN	01
II. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA	03
2.1. ANTECEDENTES	03
2.1.1 Caracterización genética de los bovinos	03
2.1.2 Intervalo entre partos	06
2.1.3 Producción láctea	06
2.1.4 Digestibilidad	07
2.1.5 Potreros	07
2.1.6 Sanidad	07
2.2. MARCO TEORICO	08
2.2.1 Sostenibilidad	08
2.2.2 Sostenibilidad en sistemas de producción	09
2.2.3 Factores biológicos	09
2.2.4 Recursos genéticos	09
2.2.5 Sanidad animal y nutrición	10
2.2.6 Conservación de genes	10
2.2.7 El ADN	12
2.2.8 Extracción de ADN	13
2.2.9 PCR	14
2.2.10 RAPD	15
2.2.11 Interpretación de los resultados	15
III. METODOLOGÍA	17
3.1 LUGAR DE EJECUCIÓN	17
3.2 MATERIALES Y EQUIPOS	17
3.3 MÉTODOS DE ANÁLISIS	18
3.3.1. Diseño de la investigación	18
3.3.2. Población y muestra de estudio	18
3.3.3 Variables	19
3.3.4 Definición conceptual y operacional de las variables independiente	19
3.3.5 Definición conceptual y operacional de las variables dependiente	21
3.3.6 Análisis de datos	21
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	23
4.1. Genoma de los bovinos de la Estación Experimenta Agropecuaria de Satipo (EEAS)	23
4.2. Frecuencia génica y genotípica de los bovinos de la EEAS	29
4.3. Correlación entre genoma de los bovinos EEAS con características productivas y reproductivas	31
4.4. Sostenibilidad del genoma de los bovinos de la EEAS	32
V. CONCLUSIONES	33
VI. RECOMENDACIONES	35
VII. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA	36
ANEXOS	

LISTADO DE TABLAS

	Pag.
Tabla 1: Matriz de los datos binarios del genoma de los bovinos	26
Tabla 2: Composición genómica de los bovinos de la EEAS	27
Tabla 3: Frecuencias alélicas y genotípicas de los bovinos de la EEAS.	29

LISTADO DE CUADROS

Cuadro 1: Prueba de t para diferenciar el número de alelos presente en los bovinos de la EEAS Y UNALM	29
Cuadro 2: Correlación múltiple del genoma, intervalos entre partos y producción láctea.	31

LISTADO DE FIGURAS

Figura 1: Patrón de fragmentos RAPD de 47 muestras de Bovinos generadas con el marcador OPA-17	23
Figura 2: Identificación del número de alelos en el genoma de cada animal	25
Figura 3: Frecuencia de los fragmentos de ADN del genoma de los bovinos	26
Figura 4: Frecuencia genotípicas de homocigotos y heterocigotos en la población de bovinos de la EEAS	30

RESUMEN

La investigación se realizó en la Estación Experimental Agropecuaria Satipo (EEAS), ubicado en el Distrito de Rio Negro – Satipo. Con el objetivo de identificar si el genoma de los bovinos de la EEAS son sostenibles en la ganadería del trópico; se utilizó la sangre extraída de 47 bovinos y herramientas moleculares como RAPD-PCR (Random Amplified Polymorphic DNA - Polymerase Chain Reacción) para la tipificación genotípica de estos bovinos. Encontrándose 32 diferentes genomas con genes que presentan de 350 a más de 1 000 pares de bases. Existiendo animales con una frecuencia de 0.78 de homocigosis y 0.22 de heterocigosis en los genotipos, la alta frecuencia de homocigosis se debe principalmente a la consanguinidad y selección. No existe una correlación lineal entre el genoma de los bovinos de la EEAS-UNCP con los días vacíos entre partos y la producción láctea, debido a que, la producción láctea y los días vacíos entre partos no solo son expresados por los genes (efecto aditivo o de cría) sino también por la interacción de estos (efecto de dominancia o epístasis). En conclusión, los bovinos de la EEAS son genómicamente sostenible en el trópico por ser animales productivos que manifiestan, a la expresión e interacción de sus genes, características fenotípicas de resistencia a; enfermedades parasitarias e infecciosas, baja nutrición y al estrés producidas por el entorno; siendo estas características transmitida de los padres a su descendencia.

Palabras claves: Bovinos. Genoma. Sostenibilidad

I. INTRODUCCIÓN

La ganadería sostenible, tiene como objetivos: conservar la tierra, el agua y los recursos genéticos; mantener o reforzar el medio ambiente y una economía viable y socialmente aceptable. Los recursos genéticos, para la ganadería, constituyen la base biológica de la seguridad alimentaria mundial y contribuyen al sustento de las personas en la tierra. Estos recursos están constituidos por la diversidad del material genético que contienen los animales domésticos, así como también los animales silvestres afines a la ganadería.

Actualmente la ganadería de todos los países depende fuertemente del recurso genético. Según los datos de la **FAO (2004)**, un 20% de las razas de animales domésticos se encuentran en peligro de extinción; aunque este número podría incrementarse hasta un 36% si se conociese la situación censal de todas las razas existentes; a nivel de especies revela que mundialmente los caballos (23%), conejos (20%), cerdos (18%) y bovinos (16%), son los que tienen la mayor proporción de razas en peligro de extinción. Estos datos por si solos ya se pueden considerar muy preocupantes, pero además hay que tener en cuenta que si no se toman medidas urgentes para evitar este problema, la desaparición de las poblaciones se acelerará aún más en las próximas décadas.

La Estación Experimental Agropecuaria Satipo (EEAS), hace 40 años, mediante su Programa de Ganadería, viene transfiriendo tecnología, a los pequeños y medianos ganaderos de la Selva Central (Provincias de Oxapampa, Chanchamayo y Satipo) brindando ganado bovinos de trópico como reproductores (pie de cría); por ser un recurso biológico productivo, generador de utilidad, adaptado al manejo en el trópico (rústicos, de fácil manejo, resistentes a enfermedades tropicales y que aprovechen los recursos disponibles para producir). Para alcanzar este fin, hizo varios trabajos de cruces con diversas razas y especies de bovinos del trópico,

generando una gran hibridación genética no tipificada, por la que actualmente se desconoce el genoma de los descendientes de estos bovinos.

Por tal motivo la EEAS como centro importante de investigación y conocedores a cerca de lo importante que es la conservación de los recursos biológicos para una ganadería sostenible en selva central; necesita imprescindiblemente conocer la sostenibilidad genómica y su expresión fenotípica del recuso genético. Para solucionar este problema se formuló la siguiente interrogante: ¿Será sostenible, en la ganadería del trópico, el genoma de los bovinos de la EEAS? Dentro de este contexto general, con la finalidad de identificar el genoma de los bovinos de la EEAS, para luego proyectar estrategias para la conservación del recurso genético y mejoramiento productivo de los bovinos; el presente trabajo ha planteado como objetivo general Identificar si el genoma de los bovinos de la EEAS son sostenibles en la ganadería del trópico con los siguientes objetivos específicos:

- Identificar y comparar el genoma de los bovinos de la EEAS con otros genomas.
- Estimar la frecuencia génica y genotípica, mediante la prueba de Hardy-Weinberg, del genoma de los bovinos de la EEAS.
- Correlacionar el genoma de los bovinos con características productivas y reproductivas.
- Determinar la sostenibilidad del genoma de los bovinos de la EEAS.

II. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

2.1. ANTECEDENTES

2.1.1. Caracterización genética de los bovinos

Piñeira y Mujica (2011) menciona que, el bovino criollo patagónico chileno (BCPC) es un recurso genético que puede tener gran importancia en programas de mejoramiento genético de la ganadería tipo extensivo que se desarrolla tanto en la región de Aysén como en otras zonas del país. El objetivo del presente estudio fue caracterizar la estructura genética de un grupo de BCPC existentes en un predio de la localidad de Mañihuales, Región de Aysén, la cual fue comparada con las estructuras genéticas de otras razas bovinas utilizadas comúnmente en Chile, para la producción de leche y carne. El análisis consideró la utilización de 10 marcadores microsatélites recomendados por FAO/ISAG, mediante los cuales fue posible estimar una serie de variables genético poblacionales, realizar pruebas de equilibrio de Hardy y Weinberg, y detectar la conformación de grupos genéticamente diferenciados. Los resultados indican que el BCPC es una importante fuente de variabilidad genética bovina, lo que junto con sus características productivas y su adaptabilidad al ambiente patagónico, podrían transformar a este grupo de animales en un importante recurso para la actividad ganadera nacional. En éste se puede observar que la raza con mayor número de alelos fue el BCPC ($7.600 \pm 0,499$), mientras que la raza con menor número de alelos fue Hereford ($5,600 \pm 0,542$). Lo mismo pudo observarse en la variable riqueza alélicas, donde BCPC y Hereford mostraron valores de $3,902 \pm 0,156$ y $3,257 \pm 0,246$ respectivamente.

Ortega (2010), evaluó el polimorfismo de tres sistemas microsatelitales (BMS 527, BMS 4440 y BMS 2113) en 5 razas de ganado bovino criollo

colombianas: ROM (Rimosinuano), BON (Blanco Orejinegro), CAS (Casanareño), SM (San Martinero) CCC (Costeño con cuernos) y dos razas foráneas: Cebú y Holstein. Se encontraron 38 alelos en 105 individuos estudiados y se reportan alelos únicos para BON, ROM, CCC y CAS. La heterocigosidad esperada total incluidas las dos razas foráneas fue de 0.7228, mientras que la observada osciló entre 0.3511 y 0.7787. Se evidenció desequilibrio de Hardy-Weinberg para algunas razas en dos sistemas microsatelitales, resultado probable de efectos de selección a los cuales las razas criollas y foráneas han estado sujetas. Los análisis de mezcla sugieren que las razas criollas colombianas tienen mayor aporte genético de la raza Holstein (entre un 76 y un 88%) que de Cebú (entre un 8 y un 22 %). Finalmente, se sugiere que el sistema BMS2113, podría ser de utilidad para realizar análisis de paternidad en razas criollas colombianas.

Quiroz (2007), todos los loci resultaron polimórficos en todas las poblaciones. El número medio de alelos en los Criollos Mexicanos fue de 7.29 y en todas las poblaciones fue de 6.49 ± 1.73 . Un total de 368 alelos se detectaron en los 761 animales analizados. De ellos, 49 fueron alelos exclusivos, que se detectaron solamente en una población, también llamados alelos privados o específicos. Las poblaciones con mayor cantidad de alelos privados fueron Brahman (5) y Nelore (6); la población criolla de Nayarit fue la única que no tuvo alelos privados. Solo el 12% de los alelos pertenecieron a las poblaciones Criollas Mexicanas y el 29% a las 9 poblaciones Criollas estudiadas. Se detectaron en los bovinos criollos mexicanos 310 alelos del total de 368. En el microsatélite que más alelos se detectaron en las poblaciones de Criollo Mexicano agrupadas fue en el TGLA122 (17 alelos) y en el BM1824 únicamente 7. Por otra parte, los microsatélites INRA32 e INRA37 presentaron alelos exclusivos en 5 poblaciones cada uno; en el microsatélite CRSM60 se detectaron 3 alelos exclusivos en la población Nelore. Únicamente los microsatélites MM12, HEL9, ILSTS61, INRA63, TGLA227 e ILSTS011 no mostraron alelos exclusivos a ninguna población. El número de alelos privado podría estar relacionado con la singularidad de alguna raza, sin

embargo esto es difícil de comprobar pues se requeriría un muestreo de todas las poblaciones posibles. En este caso, lo único sobresaliente fue que se detectaron más alelos exclusivos en las poblaciones **Bos indicus**, que podría interpretarse como una diferencia con las poblaciones **Bos taurus**. El mayor número promedio de alelos se observó en Holandocebú (9.07), seguido de Criollo Poblano (8.11) y el menor fue para Hereford (4.93) y muy cerca Berrenda en Negro (5.00) y el Criollo Patagónico (5.04). Desde el punto de vista de la conservación, la biodiversidad que presentan las poblaciones Criollas Mexicanas, queda manifiesta en este trabajo, donde se destaca el 12 % de alelos que no se presentan en las otras poblaciones estudiadas, considerando que se incluyeron razas de distintas procedencias, desde otras poblaciones criollas de América, hasta poblaciones Bos indicus, incluyendo la Nelore procedente de Brasil.

Cortes (2008) menciona que; la raza Lidia en su conjunto el número medio de alelos fue de 5.7, situándose por tanto, dentro del Rango de otras razas europeas. Son escasos los estudios que se han realizado en la raza de Lidia con herramientas moleculares con el objetivo de analizar su variabilidad genética. Los valores de heterocigosis evidenciaron una situación bastante similar al número medio de alelos. El valor medio de la heterocigosis observada en la raza de Lidia resulto inferior (0.53) al de la mayoría de las 69 razas analizadas por **European Cattle Genetic Consortium (2006)** cuyos valores extremos fueron 0.52 y 0.73.

2.1.2. Intervalo entre partos

García (2008), en cuanto a las características intervalo entre partos, podemos mencionar que el promedio de días para los partos 1ro - 2do y 2do – 3ro son 498,15 (228 días parto gestación) \pm 162,46 y 420,35 (150 días parto gestación) \pm 96,97 días respectivamente, estos fueron superiores a los encontrados por Contreras *et al* (1989) quien señala que los intervalos entre partos para $\frac{1}{2}$ B y $\frac{1}{2}$ C es de 397 días, CATIE (1980) señala que el intervalo entre partos en $\frac{1}{2}$ B x $\frac{1}{2}$ C alcanzó en promedio 439 días; Gonzales (1994), en estudio de ganado de trópico realizados

en la Universidad de Maracaibo, halló que el intervalo entre partos es de 408; 393 y 372 días para el primer , segundo y tercer parto. Viana y Ferreira (1982) analizaron 6593 observaciones de intervalo entre partos en Nelore, Estado de Goiás, durante 1968 a 1978, obteniendo una media de 411 días. Viana y Ferreira (1983) en 1255 observaciones obtuvieron una media de $13,65 \pm 3,7$ meses, estos resultados fueron en otra región del Brasil pero con la misma raza.

2.1.3. Producción láctea

Coronel y Contreras (2006) manifiestan que; el promedio de la producción láctea anual para vacas cebuinas y cebuizadas es de 2.69 litros de leche promedio por vaca por día en condiciones de trópico; cuando se evalúa solamente la producción láctea de la mañana, y la producción láctea de la tarde se deja para el ternero.

Ávila (2013) menciona que; a lactaciones que han sido estandarizadas a 305 días y en vacas que son manejadas en regímenes extensivos y semi extensivos donde la mayor parte de la alimentación tiene que venir del pasto cosechado exclusivamente en pastoreo. Solo los animales con niveles de producción de más de 12 kg de leche por día suelen recibir alguna alimentación adicional para compensar nutricionalmente el nivel productivo. Para la producción de leche por vaca acumulada hasta los 305 días, las medias fueron 2 982 kg, y para el porcentaje de grasa, de 4,44%, con desviación estándar de 0,65%. Fueron consideradas 16 516 lactancias pertenecientes a 10 258 vacas de las razas Gir y Gir Mocho, los animales estaban distribuidos en 295 haciendas. Según la última evaluación el desempeño productivo al primer parto de 10 900 vacas Girolando controladas en 288 rebaños colaboradores del test de progenie, en el período de 2000 a 2010, ha mostrado que el promedio de producción de leche por vaca en 305 días fue de 3 937 kg.

2.1.4. Digestibilidad

Rodríguez (2003), reviso un total de 107 ensayos de digestibilidad, comparando Brahman, Africander, sus cruzas con razas británicas, razas

británicas puras y sus respectivas cruizas. Concluyen que el ganado cebú tiene una mayor digestibilidad del nitrógeno y un menor nivel de nitrógeno metabólico fecal que el ganado británico, esto es, tiene una mayor eficiencia en la retención del nitrógeno. Podemos decir que el cebú tiene una mayor capacidad para digerir forrajes con alto contenido de fibra bruta y una mayor eficiencia en la retención del nitrógeno, no adaptándose tan bien como el ganado europeo a los alimentos de alto contenido energético o proteico, ni a los de bajo contenido en fibra, quizá porque metabólicamente no necesite esos niveles para expresar todo su potencial de crecimiento.

2.1.5. Potreros

Torpoco (2013), menciona que; los potreros de la EEAS-UNCP muestran signos de sobrepastoreo, por el uso excesivo y un mal manejo de labores culturales, debido a la presencia permanente del ganado bovino y ovino en los campos de pastoreo, en la composición florística predominara el pasto nativo y natural, con bajos valores de proteína, y los campos de pastoreo mostraran una condición de pastizal pobre.

2.1.6. Sanidad

Agurto (2009), considera la información obtenida durante las 2 evaluaciones en las vacas de la EEAS, cifras inferiores de prevalencia de mastitis, indicando una situación favorable de salud mamaria, que no se traduce en un deterioro de la calidad láctea por ende no provocaría pérdidas económicas importantes. Ello se debe fundamentalmente a resistencia de estos animales.

2.2. MARCO TEÓRICO

2.2.1 Sostenibilidad

El termino de sostenibilidad que dan los diccionarios es el de mantener un esfuerzo, hacerlo perdurar y que no decaiga. Esta definición sugiere que los sistemas agrícolas serian sostenibles si pudieran mantenerse la

producción a los niveles corrientes. Se trata de un concepto estático de la sostenibilidad. Pero la sostenibilidad debe considerarse como un concepto dinámico, que prevea los cambios de las necesidades de una población mundial en constante crecimiento. En el sentido estático, muchos sistemas tradicionales de producción agrícola fueron sostenibles durante siglos en cuanto a su capacidad de mantener un nivel constante y estable de población. Sin embargo, las necesidades y las aspiraciones crecientes de un número cada vez mayor de personas han obligado a cambiar las prácticas de producción, lo que a su vez ha supuesto una presión excesiva sobre los recursos naturales. En este sentido, una agricultura sostenible debe dar por supuesta la administración satisfactoria de los recursos destinados a la agricultura para satisfacer las necesidades humanas cambiantes, manteniendo o reforzando al propio tiempo la calidad del medio ambiente y conservando los recursos naturales **(FAO, 2004)**

Pero, ¿eso es todo? Como suele pasar con las definiciones, ésta es poco precisa. En primer lugar porque las necesidades, para todas las sociedades de todo el mundo, no son iguales. Y en segundo lugar porque el Desarrollo Sostenible, según amplía las mismas Naciones Unidas, tiene cuatro dimensiones interconectadas: la sociedad, el ambiente, la cultura y la economía. Y para pensar, entonces, en un futuro sustentable debe haber un equilibrio entre las dimensiones ambientales, sociales y económicas **(Márquez, 2000)**.

Los indicadores proveen información en una forma más cuantitativa que sólo palabras o diagramas; implican una medida contra la cual algunos temas como el impacto de la política, pueden ser medidos. Los indicadores también proveen información en una forma más simple y entendible que estadísticas complejas u otra clase de datos científicos o económicos. La elección de los indicadores es una materia delicada que queda a total criterio del usuario. No obstante, es fundamental recordar que deben estar apropiadamente sustentados por bases teóricas relacionadas con cada dimensión analizada, ya que cada indicador debe

reflejar coherentemente las variables explicativas para cada dimensión
(Sepúlveda, 2008)

2.2.2 Sostenibilidad en sistemas de producción

La sostenibilidad está determinada por las interacciones complejas de los factores biológicos, físicos y socioeconómicos que contribuyen la base de todos los sistemas de producción, **(FAO, 2004)**

2.2.3 Factores biológicos

Es indispensable, para la sostenibilidad futura, que prosiga la labor que realiza en materia de conservación de recursos genéticos. La conservación de variedades obsoletas de cultivo y de razas de animales es indispensable para que prosperen los programas de reproducción en el futuro. La sostenibilidad de la producción animal depende en parte de encontrar métodos perfeccionados de lucha contra las plagas y parásitos, y en parte de una mejora de nutrición. Para intensificar la productividad y evitar el pastoreo excesivo, hace falta sistemas equilibrados de producción en que intervengan cultivos y ganado, **(FAO; 2004)**

2.2.4 Recursos genéticos

El GCIAI (Grupo Consultivo sobre Investigación Agrícola Internacional) ha marchado a la vanguardia de la conservación de los recursos filogenéticos y de la creación de bancos de genes. Para la sostenibilidad de la producción en el futuro es indispensable que prosiga esta labor y que las autoridades nacionales presenten más atención a la conservación de los recursos genéticos, especialmente a la preservación local de especies silvestres tanto de plantas y animales. Por otro lado, el mejoramiento genético continuo de cultivos y ganado depende enteramente de la disponibilidad de fuentes idóneas de diversidad genética. Gran parte de la diversidad necesaria se da entre las actuales cultivares, animales de granja y especies silvestres, aunque la conservación de variedades obsoletas de cultivos y razas de animales es indispensable para futuros programas de reproducción. Las estirpes

locales primitivas de cultivos y sus parientes silvestres también contribuyen fuentes valiosas de genes, especialmente de aquellos que dan resistencia contra las plagas y varias fatigas producidas por el entorno. Son genes que han cobrado aún más valor ante la perspectiva de su traslado a través de barreras reproductivas, lo cual resulta cada vez más posible gracias a las nuevas técnicas de fusión protoplasmática y de biología molecular, **(FAO, 2004)**

2.2.5 Sanidad animal y nutrición

La lucha contra las plagas también es importante para sostener la producción ganadera. Se estima que, a nivel mundial, las enfermedades y los parásitos son las causantes de la muerte de 50 millones de cabezas de ganado vacuno y de búfalos y 100 millones de cabezas de ganado ovino y caprino cada año. No obstante, estas cifras no reflejan toda la envergadura del problema pues las enfermedades y los parásitos pueden reducir gravemente la productividad de los animales, sin provocar su muerte. Por lo tanto, un control más eficaz de las enfermedades de los animales contribuiría considerablemente a la sostenibilidad de la producción pecuaria. Los problemas de la sanidad animal están relacionados estrechamente con su nutrición y con las interacciones entre cultivos y ganadería. Hay una necesidad constante de estudiar sistemas equilibrados de producción que aprovechen los beneficios de los cultivos y del ganado, y al mismo tiempo desarrollar técnicas para suministrar alimentos complementarios a unos costos que pueda permitirse el agricultor. Factores clave para la sostenibilidad, especialmente en las regiones más áridas, son una ordenación mejorada de pastos y el evitar el pastoreo excesivo, **(FAO, 2004)**

2.2.6 Conservación de genes

Según **Frankham y Ballou (2009)** la conservación genética es la aplicación de la genética teórica y técnica para reducir el riesgo de extinción en las especies amenazadas, con el fin último de preservar las especies como entidades dinámicas capaces de hacer frente a los cambios ambientales. Sin embargo, desde una perspectiva

metodológica; es la población, más que la especie, la unidad funcional evolutiva y ecológica donde deberían concentrarse los esfuerzos multidisciplinarios para la conservación genética porque es en esta donde se producen los cambios genéticos y demográficos fundamentales que determinarán la viabilidad y, por ende, la capacidad adaptativa de las distintas especies **(Sosa y Batista, 2002)**. Además, la cantidad de variación genética en una población puede jugar un importante papel en el ecosistema por la relación que existe entre las especies **(Frankham y Ballou, 2009)**.

No debemos olvidar que la conservación de los recursos genéticos es una garantía de la diversidad genética que puede ser utilizada por las futuras generaciones, al mismo tiempo que contribuye al mantenimiento y control de la diversidad biológica **(Matos y Bettencourt, 1994)**. Por lo tanto, a nivel Internacional existe una gran preocupación por la conservación, la utilización sostenible y la repartición justa y equitativa de los beneficios de la utilización de los recursos genéticos animales que aún quedan. La preocupación de la erosión genética y la pérdida de razas en animales es posterior a la de las plantas, comenzando en la década de los 50 del siglo pasado con el desarrollo de la IA y la formación de los primeros bancos de germoplasma, y siguiendo en la década de los 60 con la preocupación por el alto nivel de erosión de los recursos genéticos debido a la intensificación de los sistemas productivos con sustitución de las razas locales de áreas rurales por razas muy seleccionadas.

No obstante, el grado de peligro de una raza no depende sólo de su tamaño poblacional sino también de la velocidad y tendencia de cambio, el grado de cruzamiento con otras razas, el grado de organización y la distribución geográfica de sus efectivos, la pirámide de edades, etc. **(EAAP, 1998)**.

Genghini y Bonvillani (2002), una consecuencia del incremento de homocigotas causado por endogamia es una prepotencia mayor en los

individuos endocriados. Los individuos son prepotentes si la performance de su descendencia es parecida a sus padres y/o es especialmente uniforme. Los individuos endogámicos tienen menos loci heterocigotas que los no endogámicos debido a que no pueden producir muchas clases diferentes de gametos y menos clases diferentes de cigotos y por ende menos variación en la descendencia. Un individuo consanguíneo sería prepotente si sus loci en estado homocigota contienen principalmente alelos dominantes; su descendencia va tener por ende al menos un alelo dominante en cada uno de estos loci, y el efecto de estos loci en la descendencia, si son completamente dominante, va ser igual a sus padres, llevando a los hijos a ser más estrechamente parecidos a sus padres y a sus hermanos. La prepotencia verdadera es observada solo para rasgos de herencia simple o para rasgos poligénicos altamente heredables.

El ADN de todas las especies de organismos conocidas tiene la misma estructura química; sin embargo, cada organismo es completamente diferente a otro; la diferencia se debe al orden de las bases nitrogenadas en la molécula de ADN. Los organismos de una misma especie comparten secuencias en su molécula de ADN, pero aún dentro de la misma especie existen variaciones entre individuos. Organismos de una misma especie compartirán regiones de su secuencia hasta en más de 99%, lo que les confiere características similares; más aún, los familiares cercanos tendrán secuencias con mayor parecido entre ellos, pero nunca serán iguales, lo que define la variabilidad genética intra e interespecies. **(Salazar, et al., 2013)**

2.2.7 EI ADN

Siglas del ácido desoxirribonucleico, grupo proteico de las nucleoproteínas depositario de las características genéticas. El ADN es un polímero de elevado peso molecular, constituido por dos largas cadenas de nucleótidos en la que las bases que se hallan presentes son las purinas (adenina y guanina) y las pirimidinas (timina y citosina). Se

autoduplica en toda división celular y contiene la clave de la estructura de las proteínas, que se cifra en el orden en que, en la estructura helicoidal de la molécula de ADN del gen correspondiente, aparecen sucesivamente las cuatro bases, **(Guispert, 2006)**

2.2.8 Extracción de ADN

El aislamiento del ADN, es el primer proceso de laboratorio a desarrollar en muchos de los estudios y técnicas de biología molecular, por tanto el método de extracción y purificación que ha de emplearse debe ser el más apropiado y poseer un adecuado protocolo a seguir, variará dependiendo del material biológico. Gracias a ello es posible extraerlo a partir de cualquier muestra que dispongamos (sangre periférica, semen, pelo, tejido epitelial, heces, uñas. etc.) así como de la utilización posterior del ácido nucleico obtenido, en general, los protocolos constan de dos partes, en la primera se pretende lisar las células y solubilizar el DNA, y en la segunda eliminar por métodos enzimáticos y/o químicos las proteínas, el ARN y otras macromoléculas, estas técnicas tienen muchas ventajas, entre ellas la eficacia, es decir, la obtención de grandes cantidades de DNA de alto peso molecular a partir de pequeñas muestras de tejido fresco o congelado, así como la posibilidad de mantener conservado durante meses el material obtenido para su posterior extracción. La extracción de DNA eucariótica purificado se ha obtenido clásicamente sometiendo muestras de tejidos a una digestión con proteinasa K en presencia de SDS y EDTA, varias extracciones con fenol y cloroformo y finalmente precipitación alcohólica en presencia de sales, por lo que han surgido protocolos que intentan reducir el riesgo del manipulador, el tiempo empleado para obtener el DNA purificado y por último los costos. En el caso de utilizar el DNA obtenido exclusivamente para amplificarlo mediante la PCR, las impurezas en el DNA pueden contener inhibidores de las polimerasas, lo que reducirá la eficiencia de la PCR. Sin embargo existen muestras como la sangre de animales que se ubican a más de 4200 msnm que presentan un alto porcentaje de hemoglobina y por ende se hace dificultoso su purificación

ya que contiene mayor contenido de hierro elemento que interfiere significativamente en la amplificación por PCR **(Roche, 1999)**.

La extracción de ADN es un paso crítico que demanda mucho tiempo en trabajos de investigación en genética molecular como mapeo de QTLs o mejoramiento asistido por marcadores moleculares y otros donde la posibilidad de analizar varios individuos, depende inicialmente de la capacidad de extraer su ADN en calidad y cantidades adecuadas en forma rápida y eficiente **(Ferreira y Grattapaglia, 1998)**.

2.2.9 PCR

Reacción en cadena de la polimerasa, conocida por sus siglas en inglés (Polymerase Chain Reaction), es una técnica in vitro de síntesis enzimática en biología molecular descrita en 1985 por Kary Mullis, cuyo objetivo es obtener un gran número de copias de un fragmento de ADN particular, partiendo de un mínimo; en teoría basta partir de una única copia de ese fragmento para multiplicarlo exponencialmente 2^n . Esta técnica se fundamenta en la propiedad natural de las ADN polimerasas para replicar hebras de ADN, la reacción utiliza oligonucleótidos conocidos como (cebadores o primers), que hibridizan en las cadenas opuestas del ADN, flanqueando al fragmento de ADN a ser amplificado por una ADN polimerasa termoestable (Taq DNA polimerasa); para lo cual se emplea ciclos térmicos alternados, altas (para desnaturalización) y bajas (para alineamiento y extensión del iniciador) lo cual va a resultar en una acumulación exponencial de fragmentos específicos de ADN, además los extremos del fragmento a amplificar están definido por el extremo 5' de cada iniciador; ya que el producto sintetizado con la extensión de los iniciadores en un determinado ciclo servirá como un ADN molde en el siguiente ciclo. En un principio fue concebida como una técnica utilizada para determinar cambios en las bases de un genoma como herramienta para el diagnóstico de enfermedades genéticas con ADN **(Aert, et. al., 1998)**.

2.2.10 RAPD

Entre los años 1990 y 1991 dos grupos de trabajo, independientemente reportaron, casi simultáneamente el desarrollo de una técnica novedosa para la caracterización genética molecular que es basada en PCR. Ésta surgió con la idea de utilizar iniciadores de secuencia arbitraria más cortos para dirigir la reacción de amplificación, eliminando así la necesidad del conocimiento previo de la secuencia a amplificar; esta técnica fue denominada RAPD, AP-PCR (Arbitrary Primed-Polymerase Chain Reaction) o DAF (DNA Amplification Fingerpringting). En la actualidad es más usada por los científicos como RAPD (Random Amplified Polymorphic DNAs) o Fragmentos polimórficos de ADN Amplificados aleatoriamente. La técnica consiste en la amplificación por PCR de segmentos de ADN de cualquier organismo vivo, utilizando para lo cual un único oligonucleotido iniciador de secuencia arbitraria de 10 Pb que hibrida al azar con el ADN o sea no específico. Los productos específicos de la reacción dependen de la secuencia y longitud del oligonucleótido iniciador, así como de las condiciones de la reacción. La ausencia o presencia de estos productos de la amplificación, aunque obtenidos con un iniciador arbitrario, serán diagnosticados por los sitios de unión de aquel con el ADN genómico. En la práctica en estudios de diversidad genética las amplificaciones se realizan con un grupo de diferentes ADNs y con diferentes iniciadores o primers, para ampliar el número de caracteres moleculares que permitan diferenciar a los individuos (polimorfismo) **(Egito, 1995)**.

2.2.11. Interpretación de los resultados

Las moléculas de ADN son visualizadas indirectamente cuando son coloreadas con bromuro de etidio, fluoreciendo como bandas de un color naranja frente a la luz UV. Las moléculas de ADN que son más grandes, generalmente migran más retardadamente que las moléculas de menor peso. Para determinar el peso molecular del ADN es necesario usar un marcador estándar de peso molecular conocido, el cual al ser comparado con la muestra problema permite determinar de manera aproximada el número de pares de bases de la molécula a analizar. Estos marcadores

comerciales además pueden ser útiles como controles positivos del sistema de visualización del ADN, principalmente cuando se piensa evaluar la calidad del bromuro de etidio de la matriz (agarosa o poliacrilamida), o para determinar la intensidad del ADN que estamos evaluando (cálculos cualitativos de concentración de ADN) **(INS, 2003)**.

Estos fueron analizados mediante inspección visual asignando valores de 1 (uno) a la presencia de banda y 0 (cero) a la ausencia. Las bandas de presencia dudosa se le asignaron el valor de 9 (nueve). Se asume que el patrón de todas las bandas muestra dominancia, es decir, la presencia de la banda representa el genotipo homocigótico dominante y heterocigótico, y la ausencia corresponde al genotipo recesivo. **(Chia y Lopez, 2006)**.

Roldán, et al., (2014), dice que, con un marcador dominante, pueden observarse sólo dos clases genotípicas: AA+Aa y aa; es decir, una de las clases homocigóticas se confunde con el heterocigoto. El gel con el patrón de bandas de un marcador dominante para un locus mostrará, para cada individuo, ya sea una banda o ninguna. Las bandas se registran con un 1 si están presentes y un 0 si están ausentes. El de la frecuencia alélica (p,q) se realiza de la siguiente forma: Cálculo de la frecuencia esperada según el equilibrio de Hardy- Weinberg: $(p^2+2pq)+q^2=1$. Dónde: p^2+2pq = número de individuos que presentan el alelo A_(AA+Aa) y q^2 = número de individuos que presentan el alelo aa.

La heterocigosidad, es simplemente el número de heterocigotos en un locus entre el número total de individuos muestreados. Estima la probabilidad, en organismos con cruzamiento al azar, de que dos alelos escogidos en una población sean diferentes; sin embargo, no refleja bien la cantidad de variación genética en las poblaciones de organismos que se reproducen asexualmente o por autofecundación. **(Sevilla y Holle, 2004)**

III. METODOLOGÍA

3.1. LUGAR DE EJECUCIÓN

La investigación se realizó en la Estación Experimental Agropecuaria Satipo “La Granja”, de la Universidad Nacional del Centro del Perú, ubicado en el kilómetro 05 de la Carretera Marginal Satipo – Mazamari, distrito de Río Negro, provincia de Satipo, región Junín. La ubicación geográfica, política y clima se indica a continuación:

a. Ubicación Política

Región: Junín

Provincia: Satipo

Distrito: Río Negro

b. Ubicación geográfica

Altitud: 630 msnm

Latitud sur: 11° 13´ 10´´ de la línea Ecuatorial

Latitud oeste: 74° 42´ 20´´ del meridiano de Greenwich

c. Clima

El clima es cálido húmedo lluvioso, temperatura promedio 23.60 °C y con precipitaciones pluviales entre 1 351 mm/anales, con humedad de 52.20 % comprende la zona de vida bosque sub húmedo tropical (**Holdridge, 1971**).

3.2. MATERIALES Y EQUIPOS

3.2.1. Muestra biológica:

Se tomaron como muestra, 5ml de sangre, de 47 bovinos de la EEAS, y 04 bovinos de la UNALM.

3.2.2. Materiales:

a) Materiales para extracción de ADN

Trizma base, ácido clorhídrico, EDTA 2Na₂H₂O, cloruro de sodio, CTAB, SDS, 2-mercaptoetanol, cloroformo, isopropanol, etanol 70%, etanol 95%, RNAsa tipo A (bovino), isoamílico, Hidróxido de sodio, acetato de amonio, ácido bórico y tampón Tris EDTA.

b) Materiales para electroforesis

Agarosa, bromuro de etidio, azul de bromofenol, ácido acético glacial, cloruro de potasio, citrato de sodio, buffer de carga, buffer de corrida.

c) Materiales para PCR

Set de desoxirribonucleótidos trifosfatados (dNTPs), Kit de Primers, Taq-DNA polimerasa, enzima de restricción, MgCl₂, hielo seco.

d) Otros materiales

Tubos eppendorf de 1,5, tubos eppendorf de 0,2, puntas para micropipetas de 0,5 a 10; de 10 a 100 y 100 a 1000, pipetas Pasteur, guantes de goma, filtros millipore, papel de aluminio, papel toalla, proveta de 50, 100, 1000, erlenmeyers de 125, 250 y 500.

3.2.3. Equipos

Cámara de flujo laminar, cámara de baño maría, potenciómetro, bomba de vacío con cámara desecadora, cámaras electroforéticas, termociclador, cámara de vídeo digital con filtro para UV, microcentrífuga, transiluminador UV ULTRA LUM, espectrofotómetro UV, refrigeradora, congeladora, autoclave vertical y destilador de agua.

3.3. MÉTODOS DE ANÁLISIS

3.3.1. Diseño de la investigación

El diseño de la investigación es no experimental, de tipo descriptivo.

3.3.2. Población y muestra de estudio

a) **Población:** La EEAS contaba con 149 bovinos.

b) **Muestra:** Se realizó muestreo no probabilística. Clasificándolos por categorías.

	EEAS	UNALM
Vacas	36	2
Vaquillas	2	0
Ternereras	5	0
Terneros	2	2
Toros	2	0
Total	47	4

3.3.3. Variables

a) Variables de análisis

- Presencia de bandas (1)
- Ausencia de bandas (0)
- Frecuencia génica de los alelos dominantes.
- Frecuencia génica de los alelos recesivos
- Kilos de leche.
- Intervalo entre partos

b) Variables intervinientes.

- Recolección de muestras
- Transporte de muestras
- Aislamiento del ADN
- RAPD

3.3.4. Definición conceptual y operacional de las variables independiente

- a) Presencia de bandas (1): conformado por los genotipos homocigoto dominante AA, y heterocigoto Aa.

$$\text{Presencia de bandas} = AA \text{ y } Aa$$

$$AA = p^2 \Rightarrow A = P \quad \text{y} \quad Aa = 2pq$$

- b) Ausencia de bandas (0): Conformado por los genotipos homocigotos recesivos aa.

$$\text{Ausencia de bandas} = aa = q^2 \Rightarrow A = q$$

- c) Frecuencia génica de los alelos dominantes (A): Abundancia del alelo dominante en la población.

$$A = p^2 + \frac{1}{2}(2pq) = p(p+q) = p$$

- d) Frecuencia génica de los alelos recesivos(a): Abundancia del alelo recesivo en la población.

$$a = q^2 + \frac{1}{2}(2pq) = q(p+q) = q$$

- e) Técnicas e instrumentos de recolección de datos

Para la recolección de datos se realizara los siguientes procedimientos:

- **Obtención de muestras.** Se utilizó muestras de sangre obtenidas de 51 ejemplares del rebaño de bovinos de la EEAS. Las muestras se obtuvieron por venopunción de la yugular (extrayendo de 5 a 10 ml de sangre por animal), usando como anticoagulante EDTA-potásico 1.5 mg/ml de sangre.
- **Extracción de ADN:** Se calienta 10 ml de buffer RBC en tubos Falcon a 37 °C en baño maría al que se le agrega 2 ml de sangre y se mezcla por inversión. Culminado la adición se lleva a centrifugar los tubos Falcon a 2000 rpm por 10 min. Se descarta el sobrenadante, dejando en la base el pellet de glóbulos blancos. Se agrega 5 ml de NaCl 0.15 M para realizar el lavado, centrifugando a 2000 rpm por espacio de 10 min repitiendo en tres oportunidades, se descartó el sobrenadante para luego llevar a -20 °C overnight. Al pellet se adicionó 1ml de buffer WBC con proteinasa K y se lleva a incubar a 55 °C por 8 horas para lisar los glóbulos blancos sin dañar el DNA, luego se traslada con pipeta y punta azul del tubo falcon al tubo eppendorf de 1.5 ml para centrifugar a 14000 rpm durante 15 minutos para precipitar el debris. Se trasladó 800 µl a un nuevo tubo eppendorf rotulado, al que se le adiciono 700 µl de etanol 100 % y esperando que el DNA precipite se lleva a -20 °C, tras 14 horas se retoman los trabajos. A la observación del precipitado los tubos eppendorf con rótulos dejan percibir halos (hebras) de DNA (**INS, 2003**)
- **Amplificación de ADN in vitro por RAPDs por PCR:** Se toma del stock de 20 ng/µl para diluir a 5 ng/µl. Vertir en un eppendorf rotulado 207 µl de H₂O de Grado molecular, al cual se le adiciona 66 µl. De MgCl₂ y se procede a homogenizar, se le adiciona 66 µl de dNTPs procediendo a homogenizar, luego se adiciona Buffer PCR 10X con KCl luego se homogeniza, se le adiciona 5.5 µl de BSA para luego homogenizar, adicionamos 82.5 del cebador OPA (RAPDs) y se homogeniza, para finalizar el mix se adiciona 33 µl de la Taq para homogenizar todo. En tubos de PCR rotulados con los códigos de las muestras, se dispensa 13 µl del mix al que se adiciona 2 µl de ADN y 40 µl de aceite mineral para llevarlos al Termociclador con el programa de amplificación descrito; donde se replicara el ADN.

- **Determinación de las variantes alélicas por electroforesis:** La identificación de las variantes alélicas se realizó por electroforesis en geles de agarosa una concentración de 1.8% con 250 ml de TBE 1X y 4.5 gr de agarosa, o al 2 % con 250 ml de TBE 1X y 5.0 gr de agarosa diluido en el microondas a una potencia de 70 y por un espacio de 2 min. La corrida electroforética se realizó durante 120 minutos a un voltaje de 2.5 V/cm. Finalmente los geles se tiñeron con bromuro de etidio 0.5 mg/ml y se visualizaron en un transiluminador UV con lámpara de 312 nm. **(Chia y Lopez, 2006).**
- **Determinación de las frecuencias genotípicas y alélicas:** En atención a que la determinación de las variantes alélicas permitió conocer el genotipo de cada animal muestreado, las frecuencias genotípicas y alélicas se determinaron por el método del recuento simple. Además se analizó el rebaño respecto a la condición de equilibrio génico según Hardy-Weinberg. **(Chia y Lopez, 2006).**

3.3.5. Definición conceptual y operacional de las variables dependiente

- a) Kilos de leche (Producción de leche por lactancia): Es el volumen de leche producida durante una lactancia.
- b) Intervalo entre partos (IEP) Son el número de días transcurridos entre un parto y otro, se debe de sacar individual para después entrar a promediar el hato ganadero.

3.3.6. Análisis de datos

a) Marcador molecular RADP

- Proceso de electroforesis en gel de agarosa coloreado con bromuro etílico.

b) Coeficiente de correlación múltiple:

En el modelo de correlación existe una distribución conjunta de Y y las X, conocida como distribución multivariada. En este modelo, las variables ya no se consideran como dependientes o independientes,

ya que, lógicamente, son intercambiables y cualquiera de las X puede desempeñar la función de Y.

$$r_{X.ZY} = \sqrt{\frac{r_{XY}^2 - r_{XZ}^2 - 2(r_{XY} r_{XZ} r_{ZY})}{1 - r_{ZY}^2}}$$

Donde:

r = correlación

X = genoma de bovinos

Y = promedio de leche producido

Z = promedio de días entre partos

c) Principio de Hardy-Weinberg

$$p^2 + 2pq + q^2 = (p + q)^2 = 1$$

Donde:

- **p²**= Frecuencia de los individuos **AA**(**p²**) más la mitad de la frecuencia de **Aa**(**2pq**).
- **q²**= Frecuencia de los individuos **aa**(**q²**) más la mitad de la frecuencia de **Aa**(**2pq**).

d) Diferencia de medias (prueba de "t" de Student)

$$t = \frac{(\bar{x}_1 - \bar{x}_2) - (\mu_1 - \mu_2)_0}{\sqrt{\frac{s_1^2}{n_1} + \frac{s_2^2}{n_2}}}$$

Donde:

t = Prueba de "t"

\bar{x} = Promedio

s²= Desviación estándar

μ = Media

IV. RESULTADOS

4.1 GENOMA DE LOS BOVINOS DE LA ESTACIÓN EXPERIMENTA DE SATIPO (EEAS)

4.1.1 Secuenciación del ADN

De las 51 muestra tomadas, se descartaron 04 muestras por presentar baja calidad (menor concentración de ADN), amplificándose 47 muestras, de estas solo 43 muestras pertenecen a los bovinos de la EEAS, las muestras 39 y 40 son de la raza Brown swiss, y la 46 y 47 son de Simenthal que pertenecen a la Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM) (ver anexo 01). En la figura 1 se observa los patrones de la amplificación en el gel, del genoma de los bovinos.

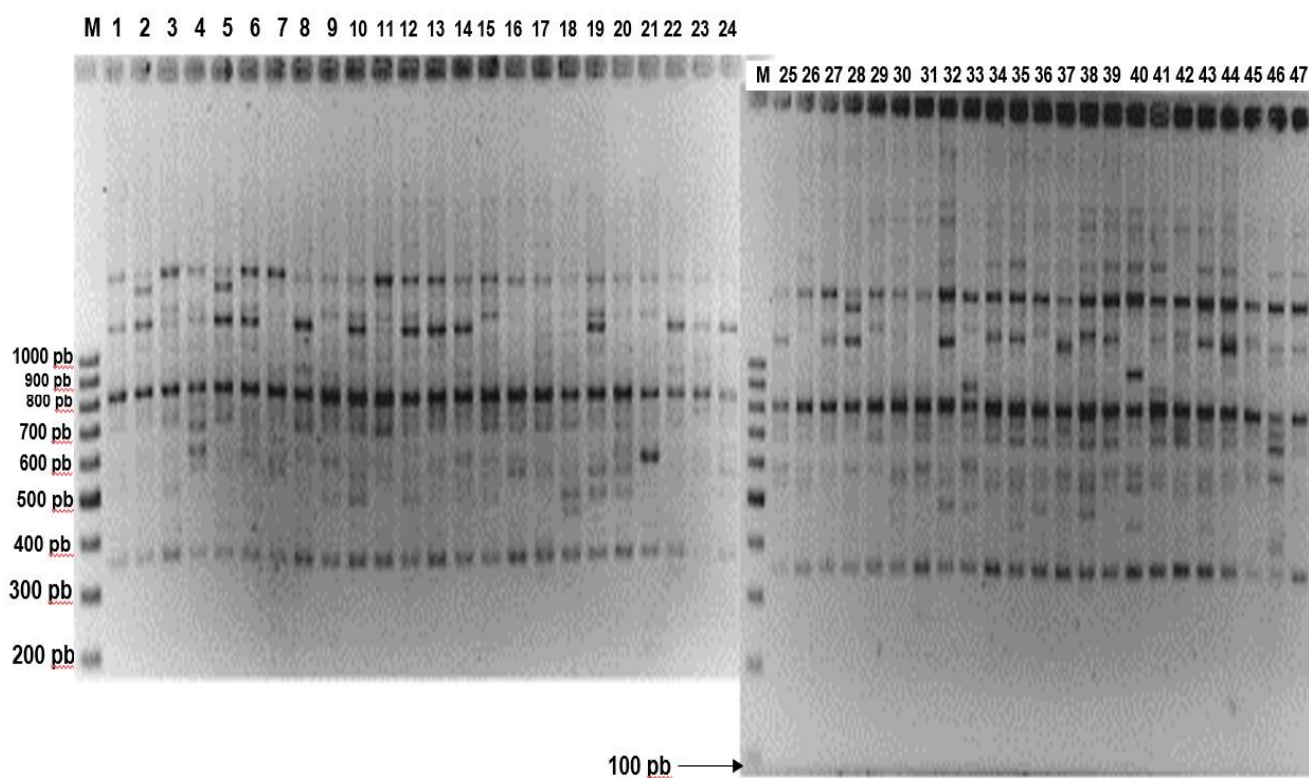


Figura 1. Patrón de fragmentos RAPD de 47 muestras de Bovinos generadas con el marcador OPA-17

M: marcador estándar de peso molecular 100 bp DNA Ladder

39 - 40 (bovinos raza Brown swiss); y 46 - 47 (bovinos raza Simenthal) de la UNALM.

En la tabla 1 se designó el número "1" si hay presencia de fragmento, "0" si hay ausencia de fragmento y "9" cuando la banda es difusa; para el análisis solo se consideraron aquellas bandas que presentaron una intensidad uniforme (1), aquellas que fueron borrosas o muy tenues no se consideraron para evitar errores, (9) porque, es mejor no evaluar a los fragmentos muy débiles, ya que pueden ser sombras de fragmentos claramente amplificadas o simple difusión de la carga de muestras (**Chia y López, 2006**).

En la población de los bovinos se identificaron a 15 distintos alelos; detectando 03 alelos privados o específicos (B, F y L) para los bovinos de la EEAS y 01 (E) para los de la UNALM; pero **Quiroz (2007)** encontró para Brahman (5), Nelore (6) y en la población de bovinos criollo de Nayarit - México no encontró alelos privados.

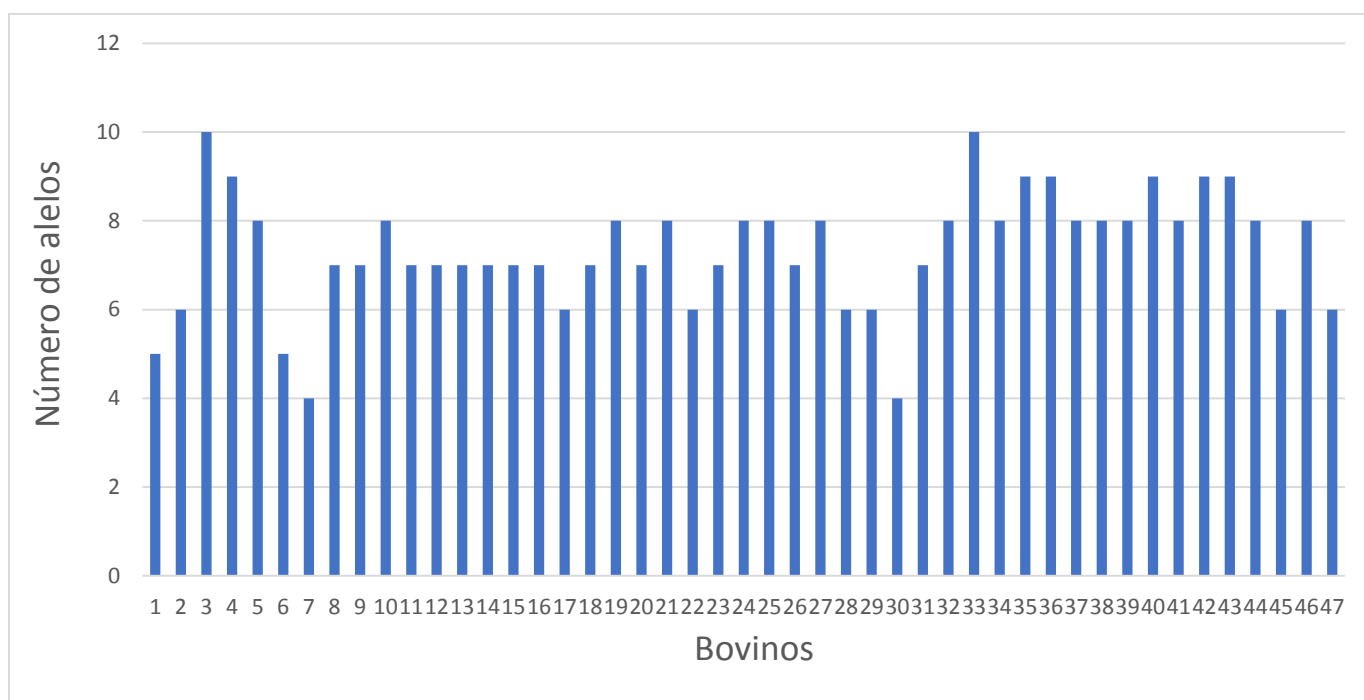


Figura 2: Identificación del número de alelos en el genoma de cada animal*
 *Fuente: obtenida de la tabla 1

La figura 2 indica que; los bovinos 03 y 33 presentan un loci mayor (10 alelos) y la 07 y 30 un loci menor (04 alelos). En los bovinos de la EEAS, encontramos similitud genómico en el loci de los bovinos 07 y 30 con 04 alelos (A, G, K y O); 13 y 14 con 07 (A, D, G, H, I, J y O); de igual forma el 16, 26 y 31 con 07 (A, G, H, I, J, K y O); el 10 y 19 con 08 (A, C, D, G, I, K, L y O); 25, 27, 34, 37 y 44 de igual forma con 08 (A, D, G, H, I, J, K y O); el 04

y 42 con 09 (A, C, D, G, H, I, J, K y O); y también la 35 y 43 con 09 (A, D, G, H, I, J, K, M, O); demostrando que el marcador RAPD puede amplificar secuencias únicas en el genoma y corresponder a un locus único en los mapas de ligamento (**Ferreira y Gattapaglia, 1995**).

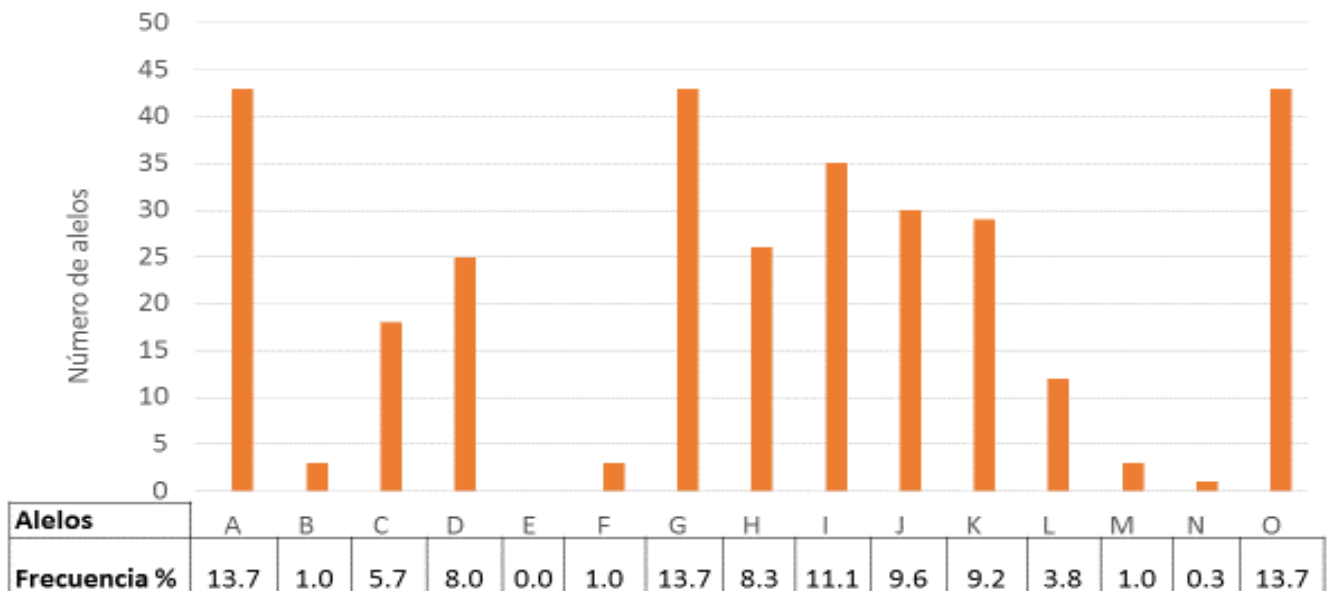


Figura 3: Frecuencia de los fragmentos de ADN del genoma de los bovinos.*

*Fuente: obtenida de la tabla 1

La figura 3 muestra un total de 15 diferentes alelos en el genoma de los bovinos, de estos solo se observó el alelo “E” en uno de los bovinos Brown swiss de la UNALM (ver figura 1 y tabla 01), por lo que no hay dominancia de este alelo en los bovinos de la EEAS. Los alelos más frecuentes son: “A”, “G” y “O” con abundancia del 13.7 % cada uno y el menos frecuente es “N” con 0.3 % de abundancia; el fragmento con mayor número de pares de base encontrado fue “A” y el de menor fue “O” con una abundancia del 13.7% cada uno.

El marcador genético ladder 100pb detecto 15 alelos en los bovinos, pero al usar el microsatélite TGLA122, en las poblaciones de bovinos Criollo Mexicano, **Quiroz (2007)** encontró en promedio 17alelos; en Holandocebú (9.07); en Criollo Poblano (8.11); Hereford (4.93); Berrenda en Negro (5.00) y el Criollo Patagónico (5.04). Al emplear los microsateles (BMS 527, BMS 4440 y BMS 2113), **Ortega (2010)** halló 38 alelos en 5 razas de ganado bovino criollo colombianas: ROM (Romosinuano), BON (Blanco Orejinegro),

CAS (Casanareño), SM (San Martinero) CCC (Costeño con cuernos) y dos razas foráneas: Cebú y Holstein. Y al utilizar 10 marcadores microsatélites, **Piñeira y Mujica (2011)** en bovino criollo patagónico chileno (BCPC) observo que la raza con mayor número de alelos fue el BCPC (7,6), mientras que la raza con menor número de alelos fue Hereford (5,6).

4.1.3 Identificación del genoma de los bovinos de EEAS

De las 43 muestras que pertenecen a los bovinos de la EEAS (ver anexo 01), de acuerdo a la figura 1 y tabla 1 se identificaron los genomas de cada individuo, como se muestra en la siguiente tabla.

Tabla 2: Composición genómica de los bovinos de la EEAS

N°	Genomas	N° de individuos	Frecuencias genómico	Bovinos
1	A_bbccddeeffG_hhijjK_llmmnnO_	2	0.04651163	7 y 30
2	A_bbccD_eeffG_hhl_jkkllmmnnO_	1	0.02325581	1
3	A_bbC_D_eeffG_hhijjkkllmmnnO_	1	0.02325581	6
4	A_B_ccD_eeffG_hhl_jkkllmmnnO_	1	0.02325581	2
5	A_bbccddeeffG_H_I_jjK_llmmnnO_	1	0.02325581	17
6	A_bbccD_eeffG_H_I_jkkllmmnnO_	1	0.02325581	22
7	A_B_ccD_eeffG_hhij_kkllmmnnO_	1	0.02325581	28
8	A_bbC_ddeeffG_hhl_J_kkllmmnnO_	1	0.02325581	29
9	A_bbC_ddeeffG_H_iiJ_kkllmmnnO_	1	0.02325581	45
10	A_bbccD_eeF_G_hhl_J_kkllmmnnO_	1	0.02325581	8
11	A_bbC_ddeeffG_hhl_J_kkL_mmnnO_	1	0.02325581	9
12	A_bbC_ddeeffG_hhl_J_K_llmmnnO_	1	0.02325581	11
13	A_bbC_D_eeffG_hhl_jkkL_mmnnO_	1	0.02325581	12
14	A_bbccD_eeffG_H_I_J_kkllmmnnO_	2	0.04651163	13 y 14
15	A_bbC_ddeeffG_H_I_J_kkllmmnnO_	1	0.02325581	15
16	A_bbccddeeffG_H_I_J_K_llmmnnO_	3	0.06976744	16, 26 y 31
17	A_bbccddeeffG_hhl_jjK_L_M_nnO_	1	0.02325581	18
18	A_bbC_ddeeffG_hhl_jjK_L_mmnnO_	1	0.02325581	20
19	A_bbccD_eeffG_H_iiJ_K_llmmnnO_	1	0.02325581	23
20	A_B_ccD_eeffG_hhl_J_K_llmmnnO_	1	0.02325581	5
21	A_bbC_D_eeffG_hhl_jjK_L_mmnnO_	2	0.04651163	10 y 19
22	A_bbC_ddeeffG_H_I_J_kkllmmN_O_	1	0.02325581	21
23	A_bbccD_eeffG_H_iiJ_K_L_mmnnO_	1	0.02325581	24
24	A_bbccD_eeffG_H_I_J_K_llmmnnO_	5	0.11627907	25 , 27, 34, 37 y 44
25	A_bbC_ddeeffG_H_iiJ_K_L_mmnnO_	1	0.02325581	32
26	A_bbC_ddeeffG_hhl_J_K_L_mmnnO_	1	0.02325581	38

..... Continúa tabla 2

N°	Genomas	N° de individuos	Frecuencias genómico	Bovinos
27	A_bbccD_eeF_G_H_I_jjK_llmmnnO_	1	0.02325581	41
28	A_bbC_D_eeffG_H_I_J_K_llmmnnO_	2	0.04651163	4 y 42
29	A_bbccD_eeffG_H_I_J_K_llM_nnO_	2	0.04651163	35 y 43
30	A_bbC_ddeeffG_H_I_J_K_L_mmnnO_	1	0.02325581	36
31	A_bbC_D_eeffG_H_I_J_K-L_mmnnO_	1	0.02325581	3
32	A_bbC_ddeeF_G_H_I_J_K_L_mmnnO_	1	0.02325581	33
Total		32	43	1

Fuente: Obtenida de la tabla 1 y figura 1

En la tabla 2, nos indica la existencia de 32 diferentes genomas en los bovinos de la EEAS; observando que los animales 25, 27, 34, 37 y 44 presentan un genoma A_bbccD_ffG_H_I_J_K_llmmnnO_ (genoma más frecuente con 0.116); seguido por los animales 16, 26 y 31 con genoma A_bbccddeeffG_H_I_J_K_llmmnnO_, con frecuencia de 0.0698; el 7 y 30; 13 y 14; 10 y 19; 4 y 42; y 35 y 43 con una frecuencia genómica del 0.047 cada uno. Los 25 genomas sobrantes, pertenecen, a los animales restantes con una frecuencia de 0.023 cada una. La presencia de varios genomas en la población de bovinos de la EEAS se debe a que el RAPD visualiza las huellas genéticas, siendo el genoma de cada individuo muy distinto. **(Ferreira y Gattapaglia, 1995)**. Con relación a los individuos que presentaron una similitud en su genoma, se debe a que, en el genoma solo se observa la dominancia alélica por lo que dentro de estos animales se encontraría a homocigotos de alelos dominantes y heterocigotos **(Sevilla y Hollen, 2014)**

4.1.4 Comparación genómica de los bovinos de la Estación Experimental de Satipo (EEAS) y la de Universidad Nacional agraria La Molina (UNALM)

La comparación del genoma, se desarrolló en base al número de alelos presente en las poblaciones de los bovinos de la EEAS y UNALM (ver figura 2); donde las variancias son desconocidas y diferentes, ya que pertenecen a diferentes razas de bovinos.

Cuadro 1: Prueba de t para diferenciar el número de alelos presente en los bovinos de la EEAS Y UNALM

EEAS n = 43	UNALM n = 4	Valor critico de t $\alpha = 0.05$	t calculado
7.3 \pm 1.37	7.75 \pm 1.26	\pm 3.06	-0.674

En el cuadro 1, de la prueba de t , se observa que el cálculo estadístico (-0.674) cae dentro de la región de no rechazo, es decir; $-3.06 < -0.674 < 3.06$, por lo que no es posible rechazar la hipótesis nula, concluyendo que las dos medias no son diferentes, es decir que el genoma de las dos poblaciones con respecto al número de alelos no son diferentes.

4.2. FRECUENCIA GÉNICA Y GENOTÍPICA DE LOS BOVINOS DE LA ESTACIÓN EXPERIMENTAL SATIPO (EEAS)

4.2.1 Frecuencia génica y genotípica según el equilibrio de Hardy-Winberg

Las frecuencias génicas y genotípicas de la población de los bovinos de la EEAS se calcularon a partir de la tabla 01 en el anexo 02; la siguiente nos muestra los resultados del anexo 02.

Tabla 3: Frecuencias alélicas y genotípicas de los bovinos de la EEAS.

LOCUS	Frecuencias genotípicas				Frecuencias alélicas	
	p^2	$2pq$	q^2	Total	p	q
B	0.0013	0.0685	0.93	1	0.04	0.96
C	0.0564	0.3622	0.58	1	0.24	0.76
D	0.1246	0.4568	0.42	1	0.35	0.65
E	0	0	1	1	0	1
F	0.0013	0.0685	0.93	1	0.04	0.96
H	0.1378	0.4668	0.4	1	0.37	0.63
I	0.3234	0.4906	0.19	1	0.57	0.43
J	0.2026	0.495	0.3	1	0.45	0.55
K	0.1844	0.49	0.33	1	0.43	0.57
L	0.0228	0.2563	0.72	1	0.15	0.85
M	0.0013	0.0685	0.93	1	0.04	0.96
N	0.0001	0.0231	0.98	1	0.01	0.99
Total	0.088	0.270525	0.6425	12		

En la tabla 3, se calculó las frecuencia genotípicas (p^2 , $2pq$ y q^2) y alélica (p y q) donde se observó a dos clases de genotipos: la primera conformada por p^2 y $2pq$, y la segunda por q^2 es decir, una de las clases homocigóticas se confunde con el heterocigoto, por usar un marcador RAPD (**Roldán, et al. 2014**). Según el equilibrio de Hardy-Weinberg, en los bovinos de EEAS, se pudo inferir en las frecuencia genotípica y alélica: y para el locus E $q^2=1$ y $q=1$ y para los loci B, C, D, F, H, I, J, K, L, M y N presentan los genotipos p^2 , $2pq$ y q^2 con sus respectivas frecuencias de p y q , pero para los loci A, G y O no se diferenciaron porque a la visualización de la figura 1 y anexo 2 resultaron ser monomórficas.

4.2.2 Frecuencia genotípicas de homocigotos y heterocigotos

Los homocigotos y heterocigotos de los alelos en los genotipos de los bovinos de la EEAS se calcularon en la tabla 3 y las diferencias se manifiestan en la siguiente:

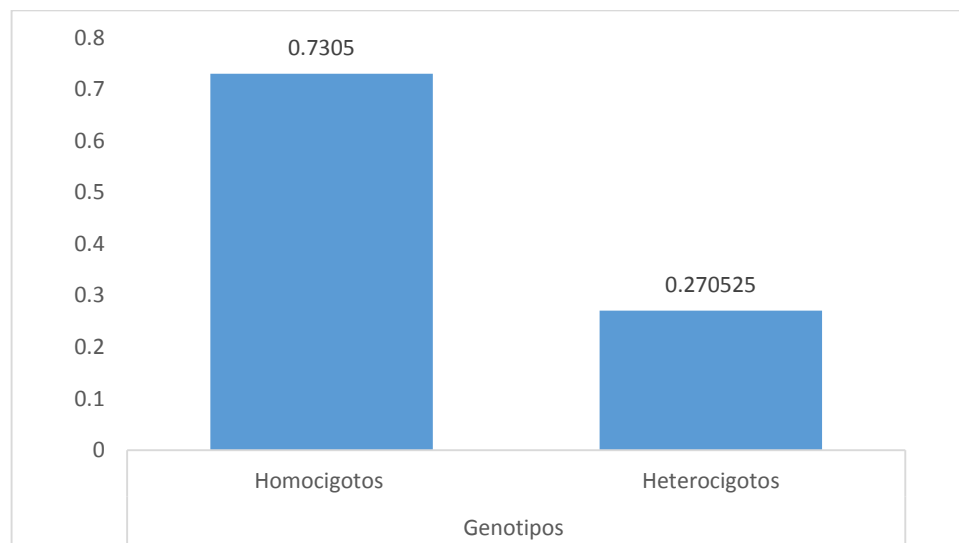


Figura 4: Frecuencia genotípicas de homocigotos y heterocigotos en la población de bovinos de la EEAS

La figura 4 indica que en los bovinos de la EEAS existen más alelos homocigotos (0.73) que heterocigotos (0.27). El incremento excesivo de alelos homocigotos en una población es causado por la endogamia, debido a que no pueden producir muchas clases diferentes de gametos y aún menos de cigotos, por ende no hay variación en la descendencia (**Genghini et al.,2002**).

La población de bovinos de la EEAS presenta un valor medio de 0.27 de heterocigosis en los alelos del genotipo, resultando menor a la heterocigosis observada de 0.53 de los bovinos de raza de Lidia (Cortes, 2008) y mucho más inferior a los valores de 0.52 y 0.73 de heterocigosis observada en las 69 razas de bovinos estudiadas por European Cattle genetic Consortium (2006)

4.3. CORRELACIÓN ENTRE GENOMA DE LOS BOVINOS GENÉTICAMENTE MEJORADOS CON CARACTERÍSTICAS PRODUCTIVAS Y REPRODUCTIVAS.

De los 43 bovinos evaluados de la EEAS, se seleccionaron a todas las hembras con más de dos partos y que cuenten con registro de lactación; identificando a doce (12) vacas; quienes en el siguiente cuadro presentan los resultados del coeficiente de correlación de los loci del genoma ($X = 8.5 \pm 0.55$) con las características productivas ($Y = 4.69 \pm 1.67$) y reproductivas ($Z = 409.166 \pm 30.00$).

Cuadro 2: Correlación múltiple del genoma, intervalos entre partos y producción láctea.

Coeficiente de correlación múltiple	Coeficiente de determinación múltiple	Grados de significancia		$F_{\text{calculado}}$	F_{tabular}	
		k	n-k-1		0.005	Sig.
$R_{x,yz} = 0.3804652$	$R^2_{x,yz} = 0.1447$	2	9	0.7616	10.11	N.S

Dado que 0.76 es menor que 10.11, $p < 0.005$, se acepta la hipótesis nula a nivel de significancia de 0.005 y concluir que los genomas de los bovinos no mantienen una correlación lineal con los días vacíos entre partos y la producción láctea.

El cuadro 2, muestra que los genomas de los bovinos no mantienen una correlación lineal con los días vacíos entre partos y la producción láctea, debido a que el marcador RAPD, permitió establecer patrones genéticos específicos para identificar a cada individuo, es decir, para establecer una

huella genética o huella de ADN (*fingerprints*), coincidiendo con **Salazar (2013)** quien menciona que los organismos de una misma especie compartirán regiones de su secuencia hasta en más de 99%, lo que les confiere características similares; más aún, los familiares cercanos tendrán secuencias con mayor parecido entre ellos, pero nunca serán iguales, lo que define la variabilidad genética intra e interespecies.

4.4. SOSTENIBILIDAD DEL GENOMA DE LOS BOVINOS DE LA ESTACIÓN EXPERIMENTAL AGROPECUARIA SATIPO

La figura 4, nos muestra que no hay variación en la población, existiendo más genotipos homocigotos en los bovinos cebuinos y cebuizados de la EEAS, este resultados se debe a que el programa de bovinos de trópico viene trabajando por más de 40 años con estos animales sin tener un programa de refrescamiento de sangre (**EEAS, 2009**); produciendo carne, leche y estiércol en campos de pastoreo con composición florística donde predomina el pasto nativo y natural, con bajos valores de proteína, mostrando una condición pobre de los pastizales (**Coronel y Contreras, 2006; EEAS, 2009; y Torpoco, 2013**) esto se debe a que el cebú tiene una mayor capacidad para digerir forrajes con alto contenido de fibra bruta y una mayor eficiencia en la retención del nitrógeno (**Rodríguez, 2003**), siendo estos animales resistentes a las enfermedades (**Agurto, 2009**).

V. CONCLUSIONES

1. El marcador genético ladder 100pb detecto, en los bovinos de la Estación Experimental agropecuaria Satipo de la UNCP, 32 diferentes genomas con genes que presentan de 350 a más de 1 000 pares de bases; no siendo diferente, con respecto al número de alelos, al genoma de los bovinos de la Universidad Agraria La Molina.
2. Según el equilibrio de Hardy-Weinberg, en los bovinos de Estación Experimental Agropecuaria Satipo (EEAS), se identificó 15 loci, de estos, solamente tres loci (A, G y O) presentan una frecuencia génica de $p=1$ y un locus (E) con frecuencia génica $q=1$; del mismo modo un locus (I) con una frecuencia génica de $q<0.5$ y los 10 loci restantes (B, C, D, F, H, J, K, L, M y N) presentan una frecuencia génica de $q>0.5$. Por lo que existen animales con una frecuencia de 0.73 de homocigosis y 0.27 de heterocigosis en los genotipos, la alta frecuencia de homocigosis se debe principalmente a la consanguinidad y selección de los bovinos realizados por la EEAS.
3. No existe una correlación lineal entre el genoma de los bovinos de la Estación Experimental Agropecuaria de Satipo con los días vacíos entre partos y la producción láctea, debido a que el marcador RAPD visualiza los genes de un genoma; y la producción láctea y los días vacíos entre partos no solo son expresados por los genes (efecto aditivo o de cría) sino también por la interacción de estos (efecto de dominancia o epístasis). Es así que cada individuo tiene un genoma único y el genoma de cada individuo de una especie es distinto.
4. La existencia de genotipos homocigotos en los bovinos de la Estación Experimental Agropecuaria de Satipo, nos indica que sus gametos serán casi

uniformes y por ende también serán sus descendientes; este se expresara en un incremento de la uniformidad de caracteres productivos y reproductivos.

5. Se acepta la hipótesis, ya que los bovinos de la Estación Experimental Agropecuaria Satipo son de genoma sostenible en el trópico por ser animales productivos que manifiestan, a la expresión e interacción de sus genes, características fenotípicas de resistencia a; enfermedades parasitarias e infecciosas, baja nutrición y al estrés producidas por el entorno; siendo estas características transmitida de los padres a su descendencia.

VI. RECOMENDACIONES

- Realizar un programa de mejoramiento genético donde incluya una selección rigurosa de los reproductores.
- Se sugiere mantener a las reproductoras hembras como pie de cría y no reemplazarlas con otras razas de bovinos por su sostenibilidad genómica.
- El refrescamiento de sangre, se debe realizar con animales de la misma raza.
- Usar el término de sostenibilidad genómica, que según la propuesta se refiere a individuos productivos que manifiestan, a la expresión e interacción de sus genes, características fenotípicas de resistencia a enfermedades parasitarias e infecciosas, baja nutrición y al estrés producidas por el entorno; siendo estas características transmitida de los padres a su descendencia.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Ávila Chytil, Manuel. (2013). Cebú y sus cruzas para producción de leche en el trópico. en revista Alta genetics. Consultado el 12 de diciembre del 2016. disponible en web.altagenetics.com/mexico/DairyBasics/Details/4181_cebu-y-sus-cruzas-para-la-produccion-de-leche-en-el-tropico.html.

Aert, R. M.; Voet, S.; Satappen, J., y G. Volkaert. (1998). Polymerase Chain reaction. En Molecular tools for screening biodiversity. Ed. A. Karp, P. Isaac y D. Ingram. Thamsen Publishing. London U. K. p.

Attwood, T. K, y D. J. Parry-Smith. 2002. Introducción a la Bioinformática. Edit. Pearson educación, S. A., Madrid – España. pp. 228.

Agurto Meza, Roger Enrique (2009). Diagnóstico bacteriológico y prevalencia de la mastitis bovina en el establo de la Estación Experimental Agropecuaria Satipo – UNCP. Tesis de grado. Universidad Nacional del Centro del Perú. Facultad de Ciencias Agrarias.

Coronel Orozco, Magno y Contreras Rodríguez, Javier (2006). Evaluación de la Producción Láctea en el ganado cebuino y cebuizado en selva alta. . Universidad Nacional del Centro del Peru. Facultad de Ciencias Agrarias.

Cortes Gardyn, Oscar (2008). Análisis de la Variabilidad genética en la Raza Bovina de Lidia Utilizando información Molecular. Tesis doctoral. Universidad Complutense de Madrid

Chia W, Julio A. y López B., Cesar F. (2006). Diversidad genética molecular de *Mirabilis expansa* mediante RAPD. Departamento Académico de Biología, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima – Perú. Ecología Aplicada, 5(1,2).

EAAP (1998). Assessment of Degree of Endangering of Livestock Breeds, European Association for Animal Production (EAAP) Working Group on Animal Genetics Resources.

EGITO, A.A. (1995). Uso de marcadores RAPD en la identificação e caracterização genética de raças bovinas existentes en Brasil. 95p. Dissertação (Mestrado) - Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto.

FAO. (2004). Producción Agrícola Sostenible, Consecuencias para la investigación Agraria internacional. Estudio FAO investigación.

Ferreira M. E. & D. Grattapaglia, (1998), Introducción al uso de Marcadores Moleculares en el análisis genético, EMBRAPA – cenargen, Brasilia P. 220.

Frankham, R. y Ballou, J.D. (2009). Introduction to Conservation Genetics. Cambridge University Press. Cambridge, UK.

García Ramírez, Elvis. (2008). Evaluación de las Principales Características Reproductivas y Mortalidad de Ganado Bovino en la Estación Experimental Agropecuaria – Satipo. Tesis de pre grado. Facultad de Ciencias Agrarias de la UNCP.

Genghini, Rosa y Bonvillani, Adriana (2002). Cursos de Introducción a la Producción Animal. FAV UNRC. Produccion-animal.com.ar

Guispert, C. (2006). Diccionario Enciclopédico OCEANO Multimedia.

Hedrick, P.W. (2001). Conservation genetics: where are we now? *Trends. Ecol. Evol.*

European Cattle Genetic Conservation. (2006). Marker-assisted Conservation of European Cattle Breeds: an evaluation. *Animal Genetic.* 37:472-478.

INS (2003). Manual de procedimientos de electroforesis para proteínas y ADN. Instituto Nacional de Salud. Lima-Peru.

Márquez Rodríguez, A. 2000. "Sostenible y sustentable". El Nacional, 5 de noviembre de 2000, Caracas (disponible en <http://www.analítica.com/biblioteca/amarquez/sostenible.asp>).

Matos, C., Bettencourt, C. (1994). Preservação da variabilidade genética em pequenas populações de animais domésticos. Revista Portuguesa de Zootecnia. 1: 49-58.

Ortega, Myriam (2010). Polimorfismo de microsatelites en individuos de razas de bovino criollo colombiano. Acta Biológica Colombiana, [S.l.], v. 15, n. 1, p. 223-236. Disponible en: <<https://revistas.unal.edu.co/index.php/actabiol/article/view/1722>>.

Piñeira V., Jaime y Mujica C., Fernando (2011). Caracterización genética de un rebaño de bovino criollo patagónico chileno. Revista Agro Sur Vol. 39(1) 46-56. DOI:10.4206/agrosur.2011.v39n1-05

Rodríguez Enrique (2003). Nutrición del cebú, diferencias con el ganado tradicional. Editorial orientacio grafica SRL. Primera edición. Cordova Argentina.

Sepúlveda. S, Sergio. (2008). Metodología para estimar el nivel de desarrollo sostenible de territorios (biograma 2008). Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA) San Jose de Costa Rica.

Quiroz Valiente, Jorge (2007). Caracterización genética de los bovinos criollos mexicanos y su relación con otras poblaciones bovinas. Tesis doctoral. Universidad de Córdoba Departamento de Genética.

Torpoco Antayhua, Jimy Victor (2013). Composición florística, valor nutritivo y condición del pastizal de la Estación Experimental Agropecuaria SATIPO – UNCP. Tesis de grado. Universidad Nacional del Centro del Perú. Facultad de Ciencias Agrarias.

Roche Molecular Biochemicals, (1999), PCR Amplifications Manual, segunda Edición, Editor en jefe Cornelia Steffen, Germany, P. 322.

Roldán Roldán, A.; Berruecos Villalobos, J.M.; Arredondo, Peter y Valencia Méndez, J. (2014). Uso del método RAPD en la detección de polimorfismos genéticos en ovinos. Rev. Fac. Agron. (LUZ). 2014, 31: 467-492

Salazar Montes, Adriana María; Sandoval Rodríguez, Ana Soledad y Armendáriz Borunda, Juan Socorro (2013). Biología molecular. Fundamentos y aplicaciones en las ciencias de la salud. Primera edición. Editorial McGRAW-HILL Interamericana Editores, S.A. España.

Sevilla Panizo, Ricardo y Holle Ostendorf, miguel. (2004). Recursos genéticos vegetales. Universidad Agraria La Molina. Lima – Perú.

Sosa, P.y Batista, F. (2002) La Conservación Genética de las Especies Amenazadas. En: Bañares, Á. (ed.). Biología de la Conservación de Plantas Amenazadas: Técnicas de diagnóstico del estado de conservación. Organismo Autónomo de Parques Nacionales. España, pp. 133-160.

ANEXO 1

Lista de N° de ganado y tubo colector					
N°	Código de tubo	ARETE	NOMBRE	CATEG.	RAZA
1	17	7	Carla	Vaca	Nellore
2	2	180	Loca	Vaca	Nellore
3	21	303	Eva	Vaca	Nellore
4	13	318	Lucy II	Vaca	Nellore
5	1	342	Angelica Maria	Vaca	Nellore
6	18	351	Paula	vaca	Nellore
7	40	392	Marcia	Vaca	Nellore
8	31	440	Nita	Vaca	Nellore
9	6	478	Emperatriz	Vaca	Nellore
10	10	493	Lala	Vaca	Nellore
11	19	506	Armanda	Vaca	Nellore
12	29	674	Cuca	Vaca	Nellore
13	12	.425	Augusta	Vaca	Nellore
14	45	III	Jose	Toro	Nellore
15	47	1291	Noe	Toro	Nellore
16	22	911	Fare	Ternero	Nellore
17	33	969	Delia	Ternera	Nellore
18	34	982	Tiu	Ternera	Nellore
19	26	988	Lisy	Ternera	Nellore
20	9	530	Cleofe	Vaca	Nellore
21	5	689	Chisi	Vaca	Nellore
22	7	654	Cali	Vaca	Nellore
23	23	690	Koty	Vaca	Nellore
24	14	761	Nati	Vaca	Nellore
25	11	773	Julia	Vaca	Nellore
26	16	734	Calef	Vaca	Nellore
27	15	364	Liz	Vaca	Nellore
28	27	xxx	Mocha	Vaca	Nellore
29	28	825	Haga	Vaquilla	Nellore
30	32	yyy	mochita	Vaquilla	Nellore
31	35	695	Candy	Vaca	Nellore/Bs.
32	36	285	Criselda	Vaca	Nellore/Bs.
33	37	405	Dana	Vaca	Nellore/Bs.
34	25	188	Jessica	Vaca	Bs/Nellore
35	41	276	Nidia	Vaca	3/4 Bs/Nel.
36	24	379	Mila	Vaca	Nellore/Bs.
37	39	470	Tamara	Vaca	Nellore/Bs.
38	44	1059	Ku	Ternero	Bs/Nellore
39	54	399	zzz	Vaca	Bs
40	52	905	yyy	ternero	Bs
41	42	173	Guisela	Vaca	Bs/Gyr
42	43	549	Yadire	Vaca	Bs/Gyr/Nel.
43	20	369	Ximena	Vaca	Siment/Nel.
44	3	402	Jessica	Vaca	Nel/Siment
45	30	741	Etel	Vaca	Nel/Siment
46	53	4115	ccc	Vaca	Simenthal
47	50	8107	jjjj	ternero	simenthal

ANEXO 2

LOCUS	ANÁLISIS DE DATOS					Frecuencias alélicas			
	Genotipos	p ²	2pq	q ²	Total	p	q		
A	Individuos (N°)	43		0	43				
	Frecuencia genotípica	1.00		0.00	1	1.00	0.00	0.0714286	0
		1	0.0000	0.00	1				
B	Individuos (N°)	3		40	43				
	Frecuencia genotípica	0.07		0.93	1	0.04	0.96	0.0025367	0.06889
		0.0013	0.0685	0.93	1				
C	Individuos (N°)	18		25	43				
	Frecuencia genotípica	0.42		0.58	1	0.24	0.76	0.0169648	0.05446
		0.0564	0.3622	0.58	1				
D	Individuos (N°)	25		18	43				
	Frecuencia genotípica	0.58		0.42	1	0.35	0.65	0.0252145	0.05
		0.1246	0.4568	0.42	1				
F	Individuos (N°)	3		40	43				
	Frecuencia genotípica	0.07		0.93	1	0.04	0.96	0.0025367	0.06889
		0.0013	0.0685	0.93	1				
G	Individuos (N°)	43		0	43				
	Frecuencia genotípica	1.00		0.00	1	1.00	0.00	0.0714286	0
		1	0.0000	0.00	1				
H	Individuos (N°)	26		17	43				
	Frecuencia genotípica	0.60		0.40	1	0.37	0.63	0.0265166	0.04491
		0.1378	0.4668	0.40	1				
I	Individuos (N°)	35		8	43				
	Frecuencia genotípica	0.81		0.19	1	0.57	0.43	0.0406192	0.03081
		0.3234	0.4906	0.19	1				
J	Individuos (N°)	30		13	43				
	Frecuencia genotípica	0.70		0.30	1	0.45	0.55	0.0321542	0.03927
		0.2026	0.4950	0.30	1				
K	Individuos (N°)	29		14	43				
	Frecuencia genotípica	0.67		0.33	1	0.43	0.57	0.0306716	0.04076
		0.1844	0.4900	0.33	1				
L	Individuos (N°)	12		31	43				
	Frecuencia genotípica	0.28		0.72	1	0.15	0.85	0.0107803	0.06065
		0.0228	0.2563	0.72	1				
M	Individuos (N°)	3		40	43				
	Frecuencia genotípica	0.07		0.93	1	0.04	0.96	0.0025367	0.06889
		0.0013	0.0685	0.93	1				
N	Individuos (N°)	1		42	43				
	Frecuencia genotípica	0.02		0.98	1	0.01	0.99	0.0008355	0.07059
		0.0001	0.0231	0.98	1				
O	Individuos (N°)	43		0.0	43				
	Frecuencia genotípica	1.00		0.00	1	1.00	0.00	0.0714286	0
		1	0.0000	0.00	1			0.4056526	0.59435



Foto N°01: Identificación de los animales donadores de muestras sanguíneas.



Foto N°02: Colectando 05 ml de sangre de los animales.



Foto N°03: Aislado el ADN



Foto N°04: Obtención de ADN



Foto N°05: Realizando el RAPD-PCR.

“SOSTENIBILIDAD DEL GENOMA DE LOS BOVINOS DE LA ESTACIÓN EXPERIMENTAL DE SATIPO”

Problema	Hipótesis	Objetivos	Indicador	Conclusiones
<p>¿Serán sostenibles, en la ganadería del trópico, el genoma de los bovinos de la Estación Experimental Agropecuaria de Satipo?</p>	<p>El genoma de los bovinos de la Estación Experimental de Satipo es sostenible en la ganadería del trópico.</p>	<p>Objetivo General Identificar si el genoma de los bovinos de la Estación Experimental de Satipo es sostenible en la ganadería del trópico.</p> <p>Objetivos Específicos</p> <ul style="list-style-type: none"> - Identificar y comparar el genoma de los bovinos de la EEAS con otros genomas. - Estimar la frecuencia génica y genotípica, mediante la prueba de Hardy-Weinberg, del genoma de los bovinos de la EEAS. - Correlacionar el genoma de los bovinos con características productivas y reproductivas. - Determinar la sostenibilidad del genoma de los bovinos de la EEAS. 	<ul style="list-style-type: none"> - Promedio de leche producido por día/vaca. - Crías nacidas. - Animales enfermos con mastitis. - (1), genotipos homocigoto dominante (AA), y heterocigoto (Aa). - (0). genotipos homocigotos recesivos (aa). - Abundancia del alelo dominante en la población - Abundancia del alelo recesivo en la población. - Promedio de leche producido por día/vaca. - Crías nacidas. - Porcentaje de alelos heterocigotos. - Porcentaje de alelos homocigotos 	<p>Los bovinos de la EEAS son genómicamente sostenible en el trópico por ser animales productivos que manifiestan, a la expresión e interacción de sus genes, características fenotípicas de resistencia a; enfermedades parasitarias e infecciosas, baja nutrición y al estrés producidas por el entorno; siendo estas características transmitida de los padres a su descendencia.</p> <p>Se detectó, en los bovinos de la EEAS, 32 diferentes genomas con genes que presentan de 350 a más de 1 000 pares de bases; no siendo diferente, con respecto al número de alelos, al genoma de los bovinos de la Universidad Agraria La Molina.</p> <p>Existen animales con una frecuencia de 0.73 de homocigosis y 0.27 de heterocigosis en los genotipos, la alta frecuencia de homocigosis se debe principalmente a la consanguinidad y selección de los bovinos realizados por la EEAS.</p> <p>No existe una correlación, debido a que el marcador RAPD visualiza los genes de un genoma; y la producción láctea y los días vacíos entre partos no solo son expresados por los genes (efecto aditivo o de cría) sino también por la interacción de estos (efecto de dominancia o epístasis). Es así que cada individuo tiene un genoma único y el genoma de cada individuo de una especie es distinto.</p> <p>La existencia de genotipos homocigotos en los bovinos de la EEAS nos indica que sus gametos serán casi uniformes y por ende también serán sus descendientes, expresándose en el incremento de la uniformidad de caracteres productivos y reproductivos.</p>

