



Archivos de Medicina Veterinaria

ISSN: 0301-732X

archmv@uach.cl

Universidad Austral de Chile

Chile

KELLY, L.; POSTIGLIONI, A.; DE ANDRES, D. F.; GAGLIARDI, R.; BIAGETTI, R.; FRANCO, J.

Variabilidad genética de los caballos criollos del Uruguay

Archivos de Medicina Veterinaria, vol. 34, núm. 1, 2002, pp. 13-23

Universidad Austral de Chile

Valdivia, Chile

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=173013842002>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica





Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto



Archivos de medicina veterinaria

ISSN 0301-732X *versión impresa*

-  [Como citar este artículo](#)
-  [Agregar a favoritos](#)
-  [Enviar a e-mail](#)
-  [Imprimir HTML](#)

Arch. med. vet. v.34 n.1 Valdivia 2002

Arch. Med. Vet., Vol. XXXIV, N° 1, 2002, pp. 13-23

ARTICULOS ORIGINALES

Variabilidad genética de los caballos criollos del Uruguay

Genetic variability of uruguayan creole horse

L. KELLY¹, M.V., PhD; A. POSTIGLIONI¹, Lic. Dra.; D. F. DE ANDRES², PhD; R. GAGLIARDI¹, Br.; R. BIAGETTI¹, Br.; J. FRANCO³ Ing. A.

¹ Departamento de Biología Celular y Molecular, Area Genética, Facultad de Veterinaria, Lasplaces 1550, CP. 11600, Universidad de la República, Uruguay. Fax: 598-2-628 01 30. Tel.: 628 58 02. Email: gokelly@adinet.com.uy.

² Consejo de Investigación Científico, Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, España. Fono/Fax: 34572128730. Email: iz1ancad@lucano.uco.es

³ Departamento de Estadística, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. Fax 598 2 3093004, Fono: 598 2 3060324, E mail: jfranco@fagro.edu.uy
Financiado por Universidad de la República (CSIC, PEDECIBA, Facultad de Veterinaria), BID-CONICYT.

Summary

The Uruguayan Creole Horse corresponds to the biotype of American horse for work, adapted and bred in vast cattle areas. The objective of this work is to study its genetic variability and to establish the differentiation among farms included in the sample with the purpose of analyzing the variability among them.

The study is carried out using 16 genetic markers (7 blood groups and 9 protein polymorphisms), analyzing 145 CHU that corresponds to 4 farms of different regions of the country. The electrophoretic systems tested on the 4 farms (A, B, C, D) were in Hardy-Weinberg equilibrium. The genetic variability in each race was estimated through the average expected heterozygosity (HI) for the 16 genetic markers (GM), the total number of alleles (N_A) and the inbreeding coefficient (F). The respective results were: $HI = 0.424$, $N_A = 62$ and $F = 0.049$. The variability of each farms was evaluated through the F index and the HI. All the farms showed negative f, the lowest variability was found in B ($HI = 0.265$). The Nei distance was calculated among the 4 farms. Increasing order respect to A was: C (0.007), D (0.014) and B (0.058). A cluster analysis was done through the UPGMA method, obtaining a dendrogram in which farms A, C and D are clustered.

It is concluded that the UCH has a genetic variability from intermediate to high, keeping the polymorphism of its ancestral races. On regards to the variability on the farms, it is verified the presence of a line (B) in the race.

Key words: Creole horses, genetic markers, genetic biodiversity.

Resumen

El caballo Criollo del Uruguay (CCU) corresponde al biotipo de caballo de trabajo americano, adaptado y criado en vastas zonas ganaderas. El objetivo de este trabajo es estudiar su variabilidad genética y establecer la diferenciación entre las subpoblaciones que componen la muestra con el fin de analizar la variabilidad entre las mismas.

El estudio se realiza mediante 16 marcadores genéticos (7 grupos sanguíneos y 9 polimorfismos bioquímicos), analizándose 145 CCU pertenecientes a 4 Departamentos del país.

Los sistemas electroforéticos analizados dentro de las 4 subpoblaciones (A, B, C, D) se encontraron en equilibrio génico. La variabilidad genética racial se estimó mediante el Índice de Heterocigosidad media esperada (IH) para los 16 marcadores genéticos (MG), el número total de variantes y el índice de consanguinidad (f). Los resultados fueron: 0.424, 62 y 0,049 respectivamente. La variabilidad de cada una de las subpoblaciones se evaluó mediante el índice F de fijación de [Wright](#) (F) y el IH. Todas las subpoblaciones presentaron F negativo, siendo la de menor variabilidad la B ($HI = 0.265$). Se calculó la distancia genética de Nei entre las 4 subpoblaciones. Esta fue en orden creciente con respecto a la A: C (0.007), D (0.014) y B (0.058).

Se realizó un análisis de "cluster" mediante el método de UPGMA, obteniéndose un dendograma en el que se agrupan las subpoblaciones A, C y D.

Se puede concluir que el CCU tiene una variabilidad genética de intermedia a alta, conservando el polimorfismos de las razas ancestrales. En cuanto a la variabilidad intrapoblacional se comprueba la presencia de una línea (B) dentro de la raza.

Palabras claves: Caballos criollos, marcadores genéticos, biodiversidad genética.

INTRODUCCION

El análisis de marcadores genéticos (MG) como los grupos sanguíneos y polimorfismos bioquímicos han permitido caracterizar la estructura y la variabilidad genética intra e interpoblacional de las diferentes razas equinas ([De Andrés Cara, 1982](#); [Rodríguez-Gallardo y col., 1992](#); [Bowling, 1994](#); [Gagliardi y col. 2000](#)).

La conservación de la variabilidad genética en animales de interés pecuario es de gran importancia debido a que es un prerequisite para el progreso de la selección y por lo tanto de la evolución, así como una forma de evitar la extinción de las mismas. Recientemente la FAO establece un programa destinado a la conservación de razas autóctonas y naturalizadas de animales de granja, con el propósito primario de caracterizarlas mediante MG, describirlas e identificarlas, para luego controlar y mantener su diversidad genética (<http://dad.fao.org/en/home.htm>). Por lo tanto, interesa conocer la estructura genética y la variabilidad de nuestras razas, especialmente la del caballo Criollo por ser el biotipo de caballo de trabajo americano, adaptado y criado en vastas zonas ganaderas en condiciones muy duras. Estas cualidades zootécnicas se deben a la incorporación en su genoma de la rusticidad producida por un proceso de 400 años de selección natural a la que se suman 100 años de cría dirigida ([Dowdall, 1985](#)). Lo consideramos entonces como reservorio de un "pool" de genes producto de años de adaptación a nuestras condiciones ambientales, el que interesa conservar como patrimonio genético del país. Estudios realizados anteriormente en dicha raza han descrito la presencia de alelos marcadores característicos de la Pura Raza Española (PRE) (Tf^J), del Berberisco (BE) ($D^{dekl, adln}$) y de ambas (Es^H y D^{cfgk}), siendo indicadores de la conservación del polimorfismo de sus razas ancestrales ([Kelly y col., 1998](#); [Kelly, 1999](#)). Los estudios filogenéticos realizados con razas relacionadas históricamente han permitido agruparlas con las razas americanas (Paso peruano: PP, Paso Fino: PF, Cuarto de Milla: CM) y con BE, encontrándose más distante genéticamente del PRE ([Kelly y col., 2000](#)). Otros autores han estudiado caballos Criollos procedentes de Argentina y Chile con polimorfismos bioquímicos, encontrándose en el primero una mayor correlación con el BE y la presencia de la Tf^J específica del PRE ([Peral, 1994](#); [Oltra y col., 1993](#)).

El objetivo de este trabajo es estudiar la variabilidad genética del Caballo Criollo Uruguayo (CCU), de las subpoblaciones (Cabañas) que componen la muestra y establecer la diferenciación entre ellas. Estos datos permitirán analizar la influencia que tiene la forma de cría de esta raza sobre la variabilidad genética.

MATERIAL Y METODOS

Se analizaron 145 caballos Criollos del Uruguay de pedigrí elegidos al azar, pertenecientes a diferentes Departamentos del país (Rocha, Cerro Largo, San José y Tacuarembó). El número de individuos analizados para cada marcador fue de 145 para los 7 grupos sanguíneos (A, C, D, K, P, Q, U) y entre 40 a 66 para 9 polimorfismos bioquímicos (A1B, AI, Es, Gc, Hb, PGD, PGM, Pi, Tf). La tipificación sanguínea en equinos se realizó mediante técnicas serológicas descritas por [Stormont y Suzuki \(1964\)](#). La muestra fue analizada con una batería de reactivos contrastados internacionalmente ([Kelly y col., 1998](#)). Para la determinación de los sistemas proteicos se utilizaron las técnicas de electroforesis en geles de poliacrilamida ([Juneja y col., 1978](#)), de almidón ([Bengtsson y Sandberg, 1973](#); [Trommershausen-Smith y Suzuki, 1978](#); [Braend, 1979](#)) y de isoelectroenfoque ([Ryder y col., 1979](#)).

Análisis estadístico. Para evaluar la igualdad de las frecuencias genotípicas de los diferentes establecimientos que aportaron el mayor número de individuos parentales (entre 27 y 48), se realizó la prueba de chi-cuadrado de independencia entre los establecimientos con mayor número de individuos (A, B, C y D) ([Weir, 1996](#)). Previo al cálculo de la variabilidad genética, se debieron estimar las frecuencias génicas. Estas se calcularon por: recuento de genes para los polimorfismos bioquímicos, método de alocaión de [Neimann-Sorensen \(1956\)](#) para los sistemas A, D, P, Q y método de la raíz cuadrada para C, K y U, asumiendo para estos últimos casos equilibrio Hardy-Weinberg.

Para determinar el equilibrio génico en las 4 subpoblaciones se realizó la prueba de χ^2 , adoptándose un nivel de significancia del 5% sobre la hipótesis nula para los sistemas codominantes ([Falconer, 1986](#)). El análisis poblacional se subdividió según los objetivos planteados en: variabilidad genética racial, variabilidad genética de cada una de las subpoblaciones y diversidad entre las subpoblaciones.

1) La variabilidad genética racial se estimó mediante:

- la Heterocigosis media esperada (IH). Esta se calculó para 16 MG como la suma de las heterocigosidades individuales por locus, dividida por el número de loci ([Guérin y Mériaux, 1986](#)).
- el número total de variantes en 15 loci. Se consideraron solamente aquellos alelos que presentaron una frecuencia mayor de 0.001. Se compararon con los datos descritos en la bibliografía para las siguientes razas equinas: Árabe (AR), Pura Sangre de Carrera (PSC), Cuarto de Milla (CM), Paso Peruano (PP), Paso Fino (PF) ([Bowling y Clark, 1985](#); [Bowling y Williams, 1991](#)), Cartujano (CAR) ([Valera, 1997](#)), Pura Raza Español (PRE) ([Vega-Plá, 1993](#); [Rodríguez-Gallardo y col., 1992](#)), Berberisco (BE) ([Ouragh y col., 1994](#)). En este análisis se debió excluir la Hb por no estar analizada en todas las razas.
- el índice de consanguinidad (f). Este se realiza sobre los 9 polimorfismos proteicos, estimándose la desviación de los heterocigotos observados con respecto a los esperados para muchos loci. Se combina la medida de F ([Wright, 1969](#)) de cada locus por el recíproco de la varianza de la muestra ([Li y Horvitz, 1953](#)).

2) La variabilidad genética en las diferentes subpoblaciones se estimó mediante:

- la Heterocigosis media esperada en cada subpoblación (IHs).
- índice F o de fijación de [Wright \(1969\)](#) y su promedio según [Kidd y col. \(1980\)](#). Este índice proporciona el grado de desviación del equilibrio Hardy-Weinberg. Un F positivo indica un déficit de heterocigotos causado por: la consanguinidad, apareamientos clasificados y subdivisión de poblaciones (efecto Wahlund).

3) Diversidad entre las subpoblaciones:

Para estimar los niveles de divergencia entre las subpoblaciones, se utilizó la distancia genética de [Nei \(DG\) \(1972\)](#) con 9 sistemas de MG (AI, Es alcalina, Tf, PGM, C, K, P, Q, U). La clasificación taxonómica se realizó mediante el método de UPGMA, calculándose los valores de «bootstrap» en base a 1000 repeticiones. Para el cálculo de estos parámetros se utilizó el programa de computadora Phylip ([Felsenstein, 1993](#)).

RESULTADOS

La prueba de chi-cuadrado de homogeneidad entre las subpoblaciones no fue significativo, reuniéndose en una sola muestra representativa de la población. Los sistemas de Es y Tf no se incluyeron, debido a que presentaron clases con 0 individuos ([cuadro1](#)).

CUADRO 1. Resultados de la prueba de homogeneidad entre las muestras de diferentes establecimientos.

Results from the homogeneity Chi square test among the samples from different farms.

Sistemas	Grados de libertad	χ^2	Probabilidad*
AI	6	12.26	P>0.005
PGM	6	12.30	P>0.05
C	3	6.11	P>0.10
K	3	5.71	P>0.10

P	6	10.36	P>0.05
Q	6	8.20	P>0.10
U	3	7.09	P>0.20

*nivel del 0.05

1) *Variabilidad genética racial.* La variabilidad genética del CCU evaluada mediante el índice de Heterocigosidad medio esperado fue de 0.424.

En el [cuadro 2](#) se describe el número total de variantes alélicas para el CCU y para las 8 razas comparadas. El promedio del total de alelos para todas las razas fue de 59.78, estando el CCU con un valor superior a éste (62).

El índice de consanguinidad (f) para el CCU fue de 0.049.

2) *Variabilidad genética de las subpoblaciones.* Las frecuencias génicas de las subpoblaciones se describen en el [Cuadro 3](#). De las 4 subpoblaciones la B se diferenciò del resto, en cuanto a la distribución de sus frecuencias génicas en los sistemas de: Al, Es y Tf. El sistema de Al presentó una mayor frecuencia del alelo B (0.72) en relación a las otras subpoblaciones que mantuvieron valores similares de sus dos alelos. En las Es se presentó el alelo S con una frecuencia más elevada (0.18) que en las demás subpoblaciones y en general al de las razas equinas. En las Tf se observaron que los alelos D y F2 tenían frecuencias similares en las subpoblaciones A, C y D, mientras que la subpoblación B presentó una alta frecuencia del alelo D (0.83). En las subpoblaciones A y D se encontró la Tf J característica del PRE y de las razas vinculadas a ella ([figura 2](#)).

CUADRO 2. Número total de alelos presentes en 15 MG del CCU y de 8 razas diferentes.

Total number of alleles present in 15 genetic markers of the CCU and of 8 different races.

Razas	Nº	Alelos de los grupos sanguíneos	Alelos de los Polimorfismos protéicos	Total de alelos
CCU	145-66	30	32	62
CM	100	33	32	65
PP	100	2	25	54
PF	108	32	31	63
CAR	100	26	24	50
PRE	1099	2	38	67
AR	100	27	28	55
PSC	100	30	27	57
BE	168	30	35	65

Los alelos de baja frecuencia, en general, estuvieron ausentes en las subpoblaciones B y C (B: Tf H, Tf J, C-, Ka y en C: Tf F1, Tf H, Tf J, Ka) ([cuadro 3](#)).

La prueba de equilibrio génico para 4 polimorfismos proteicos (Es, PGM AI y Tf) resultó ser no significativa ([cuadro 4](#)).

El IH medio esperado para los 9 sistemas en cada subpoblación y el índice F o de fijación se observan en el [cuadro 5](#). El valor del IH por subpoblación en orden decreciente fue de: A (0.372), C (0.363), D (0.347) y B (0.265). La subpoblación que presentó un valor bastante menor fue la B, ya que las demás no difieren mayormente entre sí al considerar el error estándar de los IHs.

El índice F presentó un valor negativo para las cuatro subpoblaciones, siendo la B la que presentó mayor valor F (-0.033).

3) *Divergencia entre las subpoblaciones.* En el [cuadro 6](#) se observa que las subpoblaciones que presentaron una DG menor, fueron: A-C (0.0166) y A-D (0.0214), encontrándose la B más alejada de las otras tres con una DG que va de 0.0552 (B-D) a 0.0745 (B-C). En la [figura 1](#) se muestra el dendrograma obtenido entre las 4 subpoblaciones en la que se agruparon en un «cluster» las A, C y D, encontrándose la B separada del mismo. El valor del «bootstrap» mayor a 60% confirma la estabilidad del dendrograma de acuerdo a [Felsenstein \(1985\)](#).

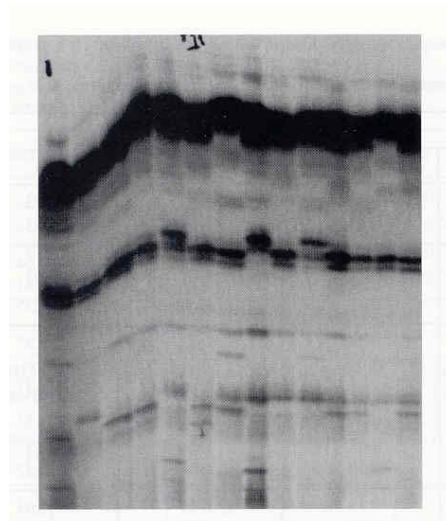


FIGURA 2: Gel de poliacrilamida con un patrón y 13 muestras de Caballos Criollos, analizados para los sistemas: Pi, AI, Gc, Es, A1B y Tf (ordenados de arriba hacia abajo). La lectura del fenotipo se muestra en la parte inferior.

Polyacrylamide gel with a pattern and 13 samples of Creole Horses, tested for the systems: Pi, AI, Gc, Es, A1B and Tf (arranged in descending order). The phenotype is shown below.

System	Pattern	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
AI	AB	B	B	AB	AB	B	A	AB	B	AB	AB	B	A	AB
Gc	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F	F
Es	I	I	I	I	FI	I	I	I	I	FI	I	I	I	I
A1B	K	K	K	K	K	K	KS	K	K	KS	K	K	KS	KS
Tf	F2O	D	F2	F2	DO	F2J	DF2	F2R	F2	F2	DF2	DF2	F2R	DF2

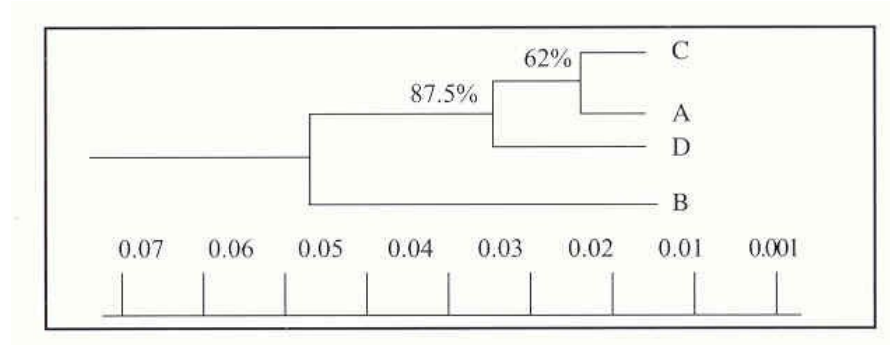


FIGURA 1. Dendrograma entre las subpoblaciones de CCU a partir de 9 loci con el "bootstrap" correspondiente.

Dendograms among the farms of UCH from 9 loci with each bootstrap.

CUADRO 3. Frecuencias génicas para 4 polimorfismos proteicos y 5 grupos sanguíneos en las 4 subpoblaciones.

Gene Frequencies for 4 protein polymorphisms and 5 blood groups in the 4 farms.

Sistemas/Alelos		Frecuencias génicas			
		A	B	C	D
Al	A	0.57	0.28	0.44	0.50
	B	0.43	0.72	0.56	0.50
Es	I	0.66	0.72	0.64	0.89
	S	0.03	0.18	0.01	0
	F	0.31	0.09	0.35	0.10
Tf	D	0.44	0.83	0.37	0.51
	F1	0.04	0.05	0	0.05
	F2	0.31	0.04	0.27	0.30
	H	0.06	0	0	0.03
	J	0.02	0	0	0.01
	R	0.04	0.04	0.3	0.01
	O	0.09	0.04	0.32	0.08
PGM	S	0.93	0.91	0.94	0.76
	F	0.07	0.09	0.06	0.24
C	-	0.40	0	0.45	0.35
	a	0.60	1	0.5	0.65
K	-	0.95	1	1	0.98
	a	0.05	0	0	0.02

U	-	0.74	0.79	0.87	0.69
	a	0.26	0.21	0.13	0.31
P	a, b	0.07	0.17	0.21	0.14
	-	0.93	0.83	0.79	0.86
Q	ac, c	0.30	0.29	0.28	0.13
	-	0.70	0.71	0.72	0.87

CUADRO 4. Prueba de equilibrio génico para 4 polimorfismos proteicos.

Test Hardy-Weinberg equilibrium Test for 4 protein polymorphisms.

Sistemas	c ² y Probabilidad			
	A	B	C	D
Es	2.40, P>0.25	1.30, P>0.5	3.780, P>0.25	0.550, P>0.25
PGM	0.173, P>0.5	0.220, P>0.5	0.140, P>0.5	0.607, P>0.25
AI	1.104, P>0.25	0.006, P>0.9	1.324, P>0.1	P>0.99
Tf	14.084, P>0.5	1.079, P>0.99	6.230, P>0.97	13.360, P>0.5

CUADRO 5. Índice de Fijación e Índice de heterocigosidad esperado por subpoblación con su error estándar.

Inbreeding index and heterozygosity expected per farm and the corresponding standard errors.

Subpoblaciones	F	IHs
A	-0.123	0.372±0.07
B	-0.033	0.265±0.06
C	-0.121	0.363±0.07
D	-0.136	0.347±0.06

CUADRO 6. Identidad y Distancias genéticas de Nei entre las subpoblaciones: A, B, C, D para 9 MG (AI, Es alcalina, Tf, PGM, C, K, P, Q y U).

Genetic distance and Nei's genetic identity among four farms: A, B, C, D for 9 GM (Al, Es, Tf, PGM, C, K, P, Q y U).

-	A	B	C	D
A	-	0.944	0.993	0.986
B	0.066	-	0.935	0.952
C	0.017	0.075	-	0.971
D	0.021	0.055	0.036	-

DISCUSION

Para evaluar el grado de variabilidad genética racial presente en el CCU se comparó el IH medio (0.424) para los 16 MG con el calculado en otras razas equinas. [Bowling \(1994\)](#) estudia 19 MG en 16 razas equinas domésticas y calcula el IH medio obteniendo un rango que va entre un mínimo de 0.295 y un máximo de 0.443. El IHm del CCU presentaría entonces un valor intermedio, enmarcándose dentro de las razas americanas si consideramos los valores obtenidos por dicho autor: PP: 0.437, PF: 0.433, Criollo Chileno: 0.428, Criollo Argentino: 0.410, CM: 0.403.

De acuerdo al número de variantes alélicas totales que se muestran en el [cuadro 2](#), las razas presentaron el siguiente orden decreciente: PRE (67), CM (65), BE (65), PF (63), CCU (62), PSC

(57), AR (55), PP (54), CAR (50). El CCU presentó un valor ligeramente superior al promedio (59.78). La distribución del número de variantes alélicas sería un buen indicativo de la variabilidad genética de las razas ya que estos resultados resultan coherentes con la historia de ellas. El alto valor del PRE podría deberse a los diversos cruzamientos a que fue sometida en el s. XVI al XVIII (Gómez, 1959). Las razas que tuvieron un valor por debajo de la media (PSC, AR, PP, CAR), estarían asociadas a una historia de cría endogámica, ya sea por un número reducido de individuos fundadores, libros genealógicos cerrados (CAR, AR y PSC) o una fuerte presión de selección artificial para pocos caracteres (PP y PSC) ([Bowling y Clark, 1985](#); [Valera, 1997](#)). Los resultados del [cuadro 2](#) presentan un orden similar a la reportada por otros autores ([Bowling y Clark, 1985](#); [Valera, 1997](#)). Como podemos observar los dos parámetros que se utilizan para analizar la variabilidad genética (IHm y el número de variantes alélicas totales) en las razas PP, PF y CM no presentan una valorización similar. Esto podría ser debido a que el IHm evalúa el número de individuos heterocigotas esperados en la población de acuerdo a la ley de equilibrio Hardy-Weinberg. Sin embargo, para poblaciones que están o estuvieron sometidas a una cría endogámica habría una pérdida de heterocigotas con disminución del polimorfismo, por lo cual el IHm estaría sobre-evaluado para estos casos.

El valor del índice de consanguinidad (f) calculado a partir de los MG en CCU (0.049) indicaría un valor medio si consideramos que el mismo es un buen estimativo de la verdadera consanguinidad producida por el apareamiento de individuos emparentados ([Valera, 1997](#)). Este autor realizó el cálculo de la consanguinidad en PRE a partir de MGS y de pedigrí, obteniendo valores similares (0,063 y 0,059 respectivamente). Por lo tanto, si en esta población el valor del f obtenido a partir de los MG es similar al del pedigrí, este valor correspondería a una consanguinidad media, de acuerdo a los valores observados en la bibliografía. Siendo además bastante inferior a los que se producen por el cruzamiento entre medios hermanos (0.125) (MacCluer y col., 1983; [Cothran y col., 1984](#); [Cunningan, 1991](#)).

Resumiendo la variabilidad genética del CCU tendría un valor de intermedio a alto, al considerar los resultados obtenidos en el presente trabajo y aquellos descritos con 9 microsatélites (IH= 0.7216; $F = -0.030$) (Kelly, 1999).

El mantenimiento de esta variabilidad genética en el CCU podría deberse a la selección natural que operó sobre ellos desde su ingreso a América y al origen e historia de la raza. Esta se comenzó a formar en 1929 con una base de 1000 individuos y se mantuvo abierto hasta el 1933/34. Durante el proceso de su formación el origen de las manadas tradicionales del país estuvo influenciado por sementales importados de Brasil, Argentina y Chile ([Sociedad de Caballos Criollos, 1981](#)). Durante este período se le ha realizado una selección artificial basada en un fenotipo de

caballo rústico adaptado al trabajo de campo que fue y es reforzado en muchos casos por una selección funcional a través de marchas y pruebas de resistencia. Por lo tanto, una base genética amplia a través de libros abiertos por períodos y una selección que favoreció la rusticidad y adaptación al ambiente, le ha permitido mantener la variabilidad genética generada a lo largo de 500 años, conservando el polimorfismo de sus razas ancestrales (T^J , D^{dekl} , $adIn$, Es^H y D^{cfqk}).

En cuanto a la variación genética existente en cada subpoblación podríamos decir que la B sería la que presentó menor variabilidad según los datos del menor IH y del mayor valor de F (cuadro 5). Estos datos concuerdan con la historia de las diferentes cabañas ya que mientras las otras tres (A, C, D) han tenido diversos orígenes y en algunos casos una formación más reciente (A y D), la subpoblación B ha tenido un antiguo origen y ha permanecido aislada del resto de la raza. También observamos que la subpoblación B es la más diferente de todas según la diferente distribución de sus alelos en el sistema AI, Es y Tf. En relación a la mayor frecuencia del alelo B de las AI se debería tener en cuenta que puede ser consecuencia de que en dicho establecimiento ha sido seleccionado por "pelo moro". Este carácter se encuentra en el mismo Grupo de Ligamiento (GL II) que las albúminas y por lo tanto podría estar operando una selección indirecta sobre ese alelo ([Bowling, 1996](#)). A pesar de ello el sistema se encuentra en equilibrio génico ([cuadro 4](#)) probablemente debido a una redistribución alélica luego de haberse establecido dicho pelaje en esa población.

Los resultados de AI, Es y Tf concuerdan con la divergencia de la subpoblación B del resto de la población en el dendograma de la [figura 1](#). Las subpoblaciones que se agruparon más cerca fueron la A y la C, quizás debido a que ambas tienen en común algunas líneas de Criollos Argentinos, indicando un mayor flujo genético entre ellos.

Si se compara el resultado de la DG de la subpoblación B (0.0657, [cuadro 6](#)) con el resto y aquel reportado para 17 loci entre PRE y su estirpe CAR (0.0539 ([Valera y col., 1996](#))) se comprueba que son similares. Por lo tanto, se podría decir que la distancia genética entre la población B y las demás correspondería al de una línea dentro de una raza como lo es el Cartujano con respecto al PRE.

De acuerdo a los resultados se puede concluir que:

- La variabilidad racial del CCU tendría un valor de intermedio a alto.
- La variabilidad en las subpoblaciones A, C y D sería mayor que la B de acuerdo a los valores del IHs y del F, aunque no habría una consanguinidad elevada por su valor negativo pero sí una pérdida de polimorfismo.
- En cuanto a la diversidad poblacional se identificó la presencia de una línea (B) dentro de la raza.

AGRADECIMIENTOS

Los autores quisieran agradecer a:

- a) Dr. M. Fernando Vila por la recolección de muestras.
- b) Dr. P. Rodríguez Gallardo por su asistencia en las técnicas de electroforesis
- c) A la Dra. Norma Mortari del Laboratorio de Inmunogenética de la Universidad Federal de San Pablo (Brasil).
- d) A la Agr. Marcela Cerruti y a la Lic. Cecilia Ratti del Laboratorio de Inmunogenética de la Sociedad Rural Argentina.
- e) A la Sra. Iris Hernández por la preparación del material de Laboratorio y recepción de muestras.

También a las siguientes entidades: al Haras Los Apamates y al Servicio Nacional de Remonta (Campo Militar Nº1, Los Cerrillos) por permitirnos utilizar sus animales para el aislamiento de los reactivos de tipificación sanguínea de nuestro Laboratorio de Genética Animal.

BIBLIOGRAFIA

BENGTTSSON, S., K. SANDBERG. 1973. A method for simultaneous electrophoresis of four horse red

cell enzyme systems. *Anim. Blood. Grps. Biochem. Genet.* 4: 83-87.

BOWLING, A. T. 1994. Population genetics of Basin feral horses. *Anim. Genetics* 25 (S.1): 67-74.

BOWLING, A. T. 1996. Horse Genetics. CAB International. Wallingford.UK.

BOWLING, A. T., R. S. CLARK. 1985. Blood group and protein polymorphism gene frequencies for seven breeds of horse in the United States. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genetics* 16: 93-108.

BOWLING, A. T., M. J. WILLIAMS. 1991. Expansion of D system of horse red cell alloantigens. *Anim. Genetics* 22: 361-367.

BRAEND, M. 1979. Genetics of horse acidic prealbumins. *Genetics* 68: 495-503.

COTHRAN E., L. MASCLUER, D. WIETKAMP, A. PFENNING, A. BOYC. 1984. Inbreeding and reproductive performance in Standardbred horses. *J. of Hered.* 75: 220-224.

CUNNINGAN, E. 1991. Genética del Caballo Pura Sangre. *Investigación y Ciencia.* 178:60-67.

DE ANDRES CARA, D. F., 1982. Pura Raza Española de caballos: comparación con otras razas mediante sus polimorfismos enzimáticos sanguíneos. Tesis doctoral. Universidad de Córdoba, España.

DOWDALL, R. C., 1985. Criando Criollos. Edit. Hemisferio Sur. S.A., Buenos Aires. pp 409.

FALCONER, D. S. 1986. Introducción a la Genética Cuantitativa. CECSA. 2ª edición. México.

FELSENTEIN, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: an approach using the bootstarp. *Evolution* 39: 783-791.

FELSENTEIN, J. 1993. Phylogeny Inference Package, Version 3.5c. Distributed by the author. Department of Genetics, University of Washington, Seattle WA.

GAGLIARDI, R. M., R. BIAGETTI R, L. KELLY. 2000. Estudio de la variabilidad genética en equinos Pura Sangre de Carrera y su incidencia en el diagnóstico de Paternidad. *Veterinaria.* N° 141. Enero 99-Diciembre 2000. N° especial.Vol. 35: 5-8.

GOMEZ LAMA, M.1959. El caballo Andaluz, históricamente y actualmente considerado. Tesis doctoral. Universidad de Sevilla. Facultad de Veterinaria. Córdoba. España.

GUERIN G., J.C. MERIAUX. 1986. La distribution des marqueurs sanguins dans les races equines. Analyse sur un echantillon de Pur-sang, Trotteur Francais et Selle Francais. 12° Journal d'étude. CEREOPA.

JUNEJA A.K., B. GHANE, K. SANDBERG. 1978. Genetic polymorphism of the vitamin D binding protein and another post-albumin protein in horse serum. *Anim. Blood. Grps. Biochem. Genet.* 9: 29-36.

KELLY L. 1999. Análisis de marcadores genéticos en caballos Criollos del Uruguay. Comparación con otras razas equinas. Tesis de Doctorado. PEDECIBA. Montevideo. Uruguay.

KELLY L., R. GAGLIARDI, R. BIAGETTI, A. POSTIGLIONI y D. F. DE ANDRES. 1998. Análisis de marcadores genéticos en una muestra de Caballos Criollos del Uruguay. *Arch. Zootec.* 47: 259-266.

KELLY L, A. POSTIGLIONI, D. F. DE ANDRES, J. L. VEGA-PLÁ, R. GAGALIARDI, R. BIAGETTI, J. FRANCO. 2000. Genetic characterization of Uruguayan Creole horse and analysis of relationships among horse breeds. *Research in Veterinary Science.* Aceptado.

KIDD K.K., W.H. STONE, C. CRIMELLA, C. CARENZI, M. CASATI, G. ROGNONI. 1980. Inmunogenetic

and population genetic analyses of Iberian cattle. *Anim. Blood Grps. Bioch. Genet.* 11: 21-38.

LI C., D. HORVITZ. 1953. Some methods of estimating the inbreeding coefficient. *Am. J. Human. Genet.* 5:107-117.

MAC CLUER J., B. BOYCE, L. DYKE, D. WEIKAMP, C. PFENNING, PARSONS. 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *J. Hered.* 74: 394-399.

NEI M., 1972. Genetic distance between populations. *The Amer. Naturalist.* 106: 283-292.

NEIMAN-SOERENSEN A., 1956. Blood groups and breed structure as exemplified by three Danish breeds. *Acta Agr. Sacand.* 6:115.

OLTRA J., M. ORTIZ, V. DE LA BARRA, E. STANGE. 1993. Tipificación de polimorfismos bioquímicos sanguíneos en equinos fina sangre de carrera y fina sangre chilena y su eficiencia en pruebas de exclusión de paternidad. *Arch. Med. Vet.* XXV: 147-153.

OURAGH L., J.C. MERIAUX, J.P.BRAUN. 1994. Genetic blood markers in Arabian, Barb and Arab-Barb horses in Morocco. *Anim. Genetics* 25: 45-47.

PERAL P. 1994. Caracterización racial de equinos de Pura raza Criolla. Su comparación con los equinos de Pura Raza Española mediante el análisis de sus polimorfismos genéticos. Tesis Doctoral. Universidad Nacional de la Plata. CIGEB

RODRIGUEZ GALLARDO P. P., P. AGUILAR, J. L. VEGA, D. F. DE ANDRES. 1992. Blood group and polymorphism gene frequencies for the Andalusian Horse breed. A comparison with four American Horse breeds. *Arch. Zootec.* 41 (extra): 433-442.

RYDER, O. A., R. S. SPARKES, M. C. SPARKES, J. B. CLEGG. 1979. Hemoglobin polymorphism in *Equus Prezewalski* and *E. Caballus* analysed by isoelectric focusing. *Comparative Biochemistry and Physiology.* 62B: 305-308.

SOCIEDAD DE CABALLOS CRIOLLOS. 1981. Comisión Directiva: Chiarino Milans G., C. Silveira, E. Masello, M. Oyenard, R. Maihlos, O. Martirena, A. Gallinal, A. Elorza y E. F.Ron. Criollos. Setiembre de 1981: 58.

STORMONT C., Y. SUZUKI. 1964. Genetic Systems of blood groups in Horse. *Genetics* 50: 915-929.

TROMMERSHAUSEN-SMITH A., Y. SUZUKI. 1978. A new allele in the prealbumin system of horse serum markers. *Anim. Blood Grps biochem. Genet.* 9: 97-104.

VALERA, M. M., 1997. Mejora genética del caballo de PRE de estirpe Cartujana. Unidad de Veterinaria del Dpto. de Genética, Universidad de Córdoba, España.

VALERA, M., J. L.VEGA-PLA, P. RODRIGUEZ, A. MOLINA. 1996. Biochemical polymorphisms and blood groups systems from the Cartujana strain of Pure Spanish Breed horses (Andalusian horses). XXV th International Conference on Animal Genetic. Tours, Francia.

VEGA PLA J. L., 1993. Grupos sanguíneos del Caballo de Pura Raza Española (P:R:E:): Comparación con otras razas y aplicación al control de filiación.Tesina de Licenciatura, Universidad de Córdoba. Dpto de Genética, España.

WEIR, B. S., 1996. Genetic Data Analysis II. Sinauer Associates, Inc. Publishers. Sunderland, Massachusetts.

WRIGHT, S. 1969. Evolution and the genetics of populations. Vol. 2. The theory of gene frequencies, University of Chicago Press.

Aceptado: 06.12.2001.

© 2011 • Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Austral de Chile
Teléfono/Fax: 56 63 221459 • Casilla 567 • Campus Isla Teja S/N • Valdivia • Chile
E-mail: archmv@uach.cl