



# “Ganadería Criolla en Mesoamérica-Centroamérica”

Un recuento de razas criollas bovinas y herramientas moleculares para su valorización

CONSERVACION de la BIODIVERSIDAD  
de los ANIMALES DOMESTICOS LOCALES



# ÍNDICE DE CONTENIDO

- Consideraciones iniciales sobre nuestros recursos zoogenéticos
- Primeros ingresos de bovinos hacia mesoamérica
- Vistazo de algunas razas criollas de mesoamérica
- Situación General De PAM Y ODS, desde el punto de vista del GRULAC,
- Alternativas para recopilar datos indicadores ODS 2.5.2
- El problema del estado de riesgo “desconocido” y posibles medidas a tomar
- Reflexión final.

# Mesoamérica

Mesoamérica es un área cultural y geográfica que se extiende desde la mitad meridional de México hasta América Central; Guatemala, El Salvador, Belice, y el occidente de Honduras, Nicaragua y Costa Rica.

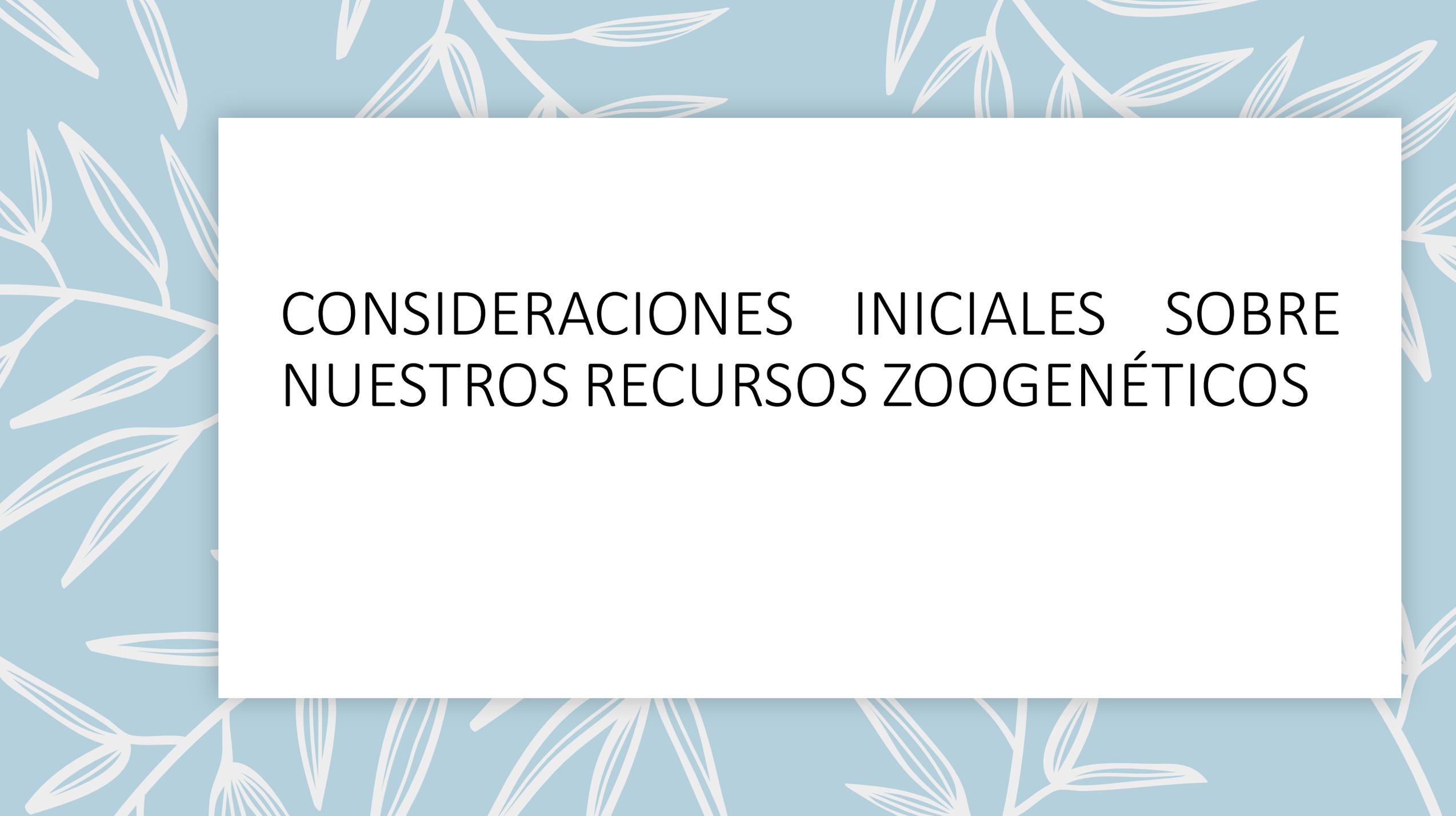
de los



# Centroamérica

El territorio situado en las latitudes medias de América, localizado entre la frontera sur de México y la frontera occidental de Colombia. América Central se divide en siete países independientes: Belice, Costa Rica, El Salvador, Guatemala, Honduras, Nicaragua y Panamá



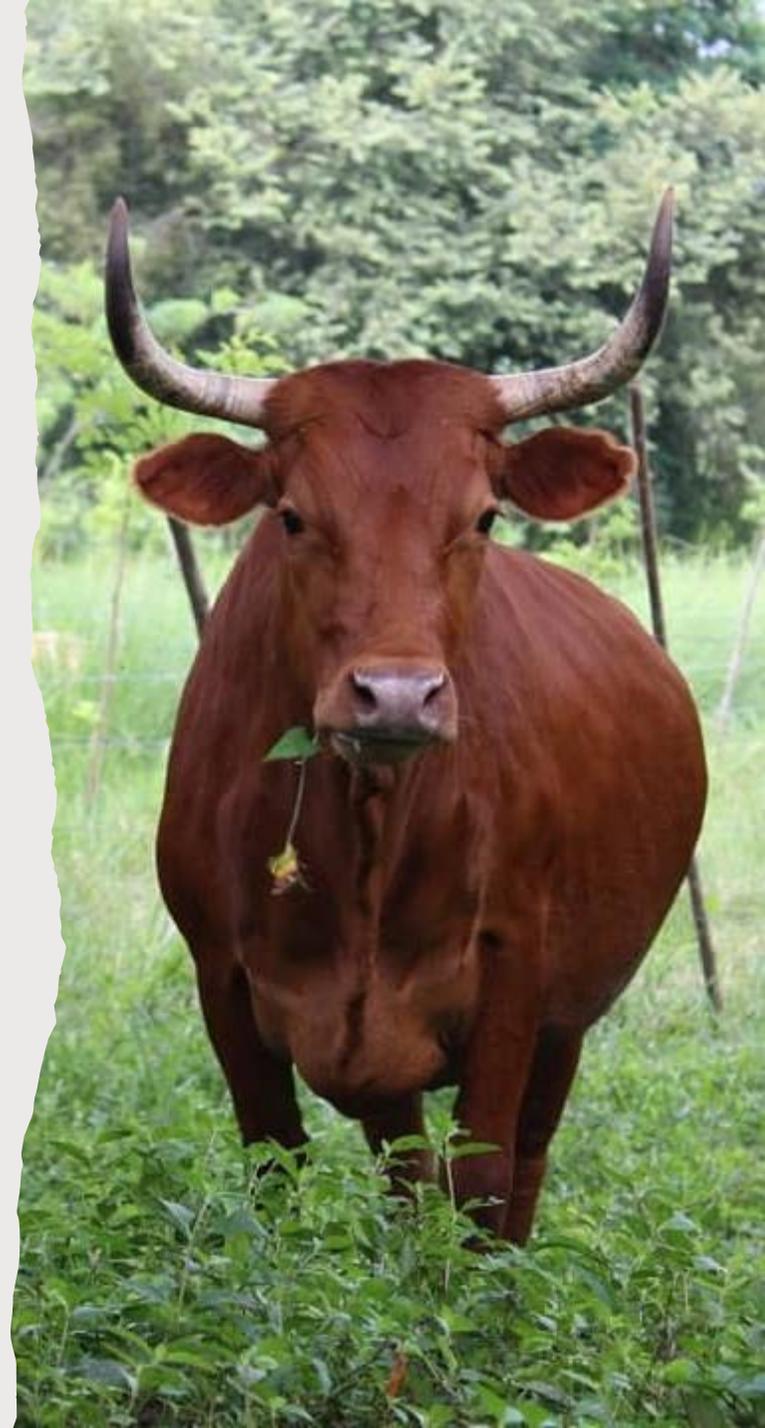


# CONSIDERACIONES INICIALES SOBRE NUESTROS RECURSOS ZOOGENÉTICOS



- Se ha registrado la extinción de 99 razas entre 2000 y 2014.
- Se desconoce el estado de riesgo del 85 % de las razas locales de muchos países por una falta de datos poblacionales.
- De un total de 8,774 razas identificadas en 38 especies ganaderas, 7,718 son razas locales (declaradas por un único país) y sólo 1,056 son razas transfronterizas.

FAO SEGUNDO INFORME SOBRE LA  
SITUACIÓN DE LOS RECURSOS ZOOGENÉTICOS, 2015

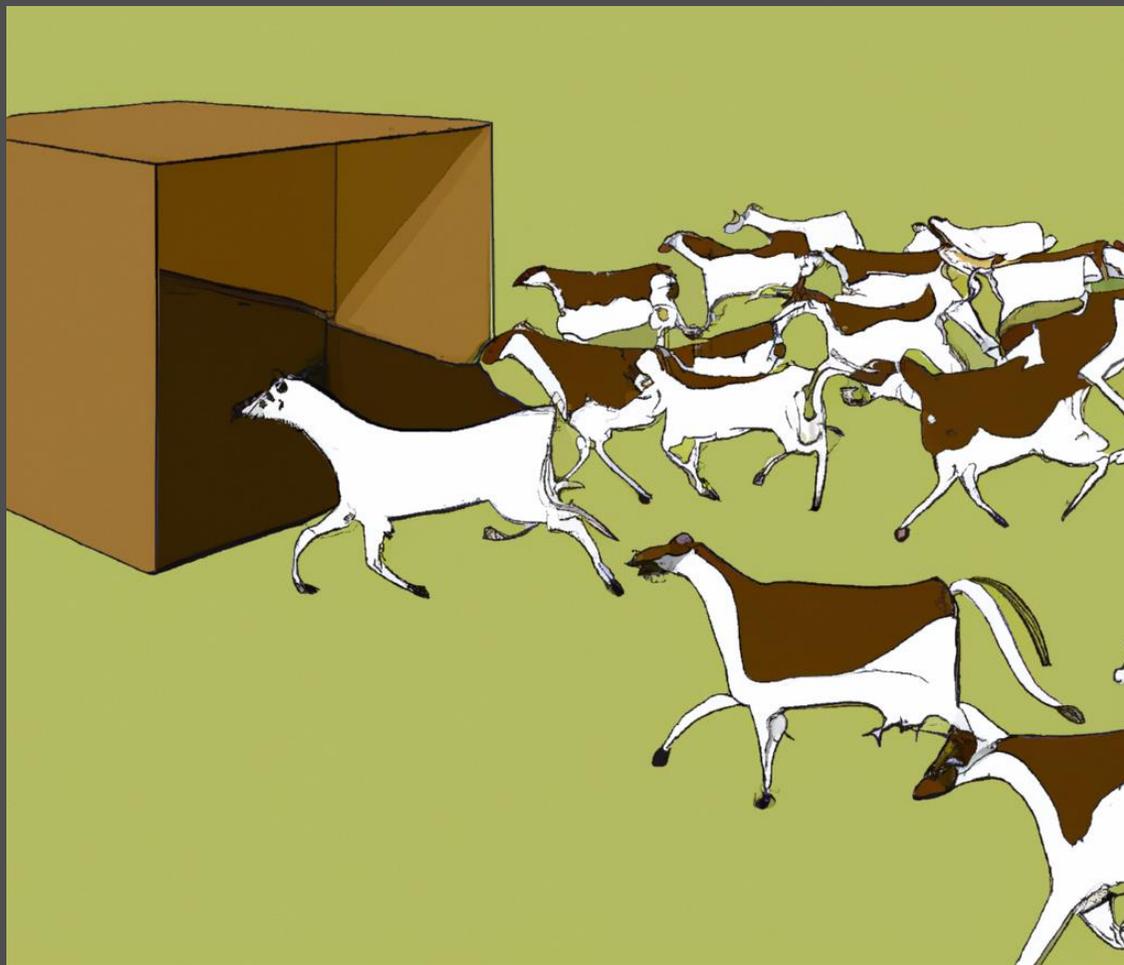


A photograph of a flock of sheep. Most are white, but one black lamb is prominently featured in the center. The background is a soft, out-of-focus green field. An orange horizontal bar is located in the top left corner.

¿HEMOS IDENTIFICADO TODAS  
LAS RAZAS LOCALMENTE  
ADAPTADAS ?

---

## Extinción



## Identificación



```

import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt

# Definimos las razas iniciales en cada área geográfica
poblacion_inicial_area1 = 100 # Área geográfica 1
poblacion_inicial_area2 = 50 # Área geográfica 2

# Definimos las tasas de formación y extinción de razas (valores hipotéticos)
tasa_formacion_razas = 0.02 # Una tasa de formación del 2% por año
tasa_extincion_razas = 0.01 # Una tasa de extinción del 1% por año

# Creamos listas para almacenar las poblaciones de razas en cada área geográfica
poblacion_razas_area1 = [poblacion_inicial_area1]
poblacion_razas_area2 = [poblacion_inicial_area2]

# Simulamos el proceso durante 500 años
for año in range(1, 501):
    # Calculamos la población de razas en cada área para el año siguiente
    nueva_poblacion_area1 = poblacion_razas_area1[-1] + (poblacion_razas_area1[-1] * tasa_formacion_razas - poblacion_razas_area1[-1] * tasa_extincion_razas)
    nueva_poblacion_area2 = poblacion_razas_area2[-1] + (poblacion_razas_area2[-1] * tasa_formacion_razas - poblacion_razas_area2[-1] * tasa_extincion_razas)

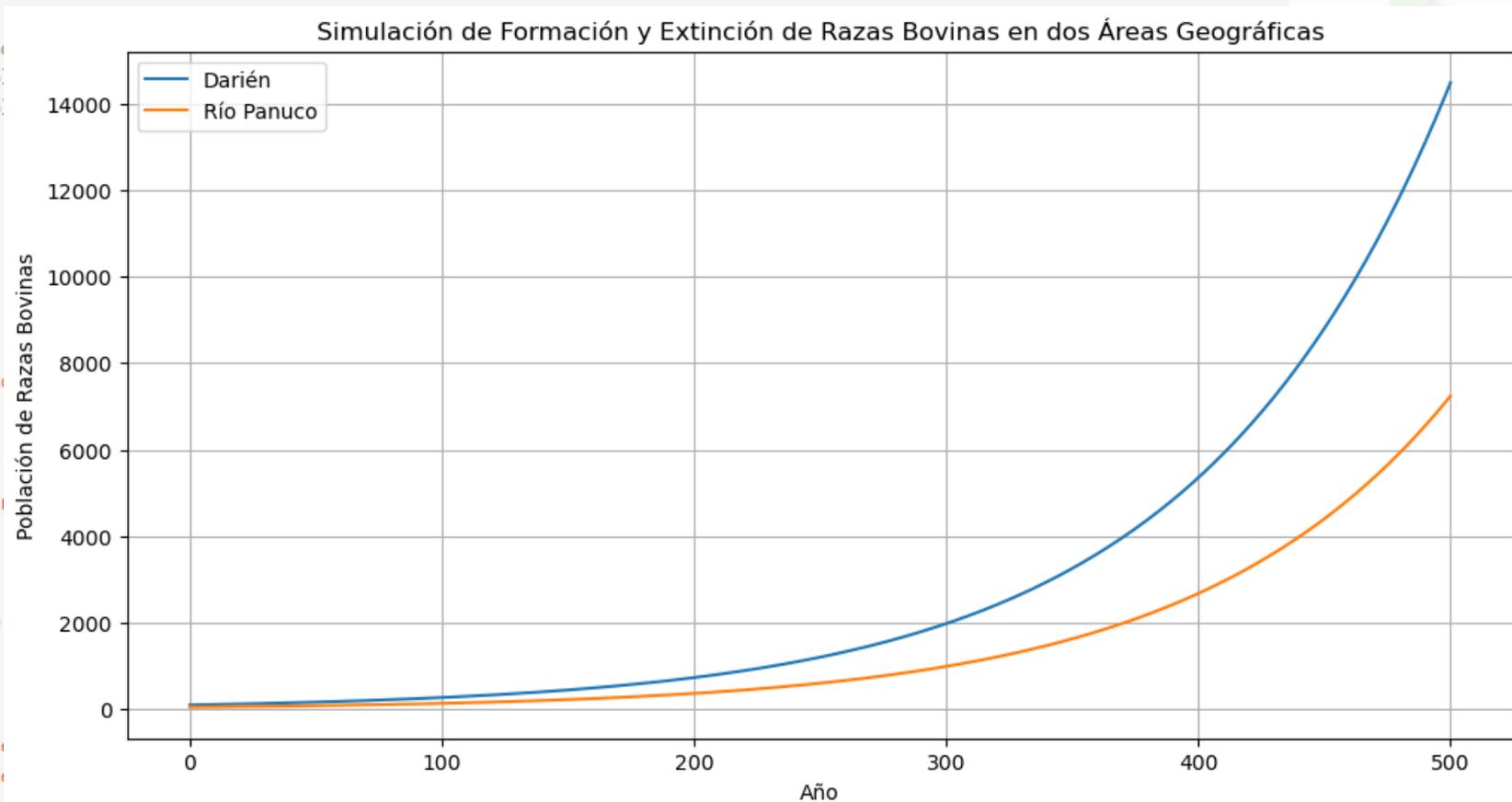
    # Agregamos las poblaciones calculadas a las listas
    poblacion_razas_area1.append(nueva_poblacion_area1)
    poblacion_razas_area2.append(nueva_poblacion_area2)

# Graficamos las poblaciones a lo largo de los años
plt.figure(figsize=(12, 6))
plt.plot(range(501), poblacion_razas_area1, label='Darién')
plt.plot(range(501), poblacion_razas_area2, label='Río Panuco')
plt.xlabel('Año')
plt.ylabel('Población de Razas Bovinas')
plt.legend()
plt.title('Simulación de Formación y Extinción de Razas Bovinas')
plt.grid(True)
plt.show()

# Contamos cuántas razas existen al final de los 500 años en cada área geográfica
razas_finales_area1 = len(poblacion_razas_area1) - 1
razas_finales_area2 = len(poblacion_razas_area2) - 1

print(f"En el Área Geográfica 1, al final de 500 años, existieron {razas_finales_area1} razas diferentes.")
print(f"En el Área Geográfica 2, al final de 500 años, existieron {razas_finales_area2} razas diferentes.")

```



```

import random
import matplotlib.pyplot as plt

# Definir las poblaciones iniciales
poblacion1 = 100
poblacion2 = 50

# Definir la tasa de extinción
tasa_extincion = 0.02 # Porcentaje de extinción por año

# Lista para rastrear el número de razas en cada año
razas = []

# Simulación de 500 años
for año in range(500):
    # Calcular el número de extinciones para cada población
    extinciones1 = int(poblacion1 * tasa_extincion)
    extinciones2 = int(poblacion2 * tasa_extincion)

    # Reducir la población debido a la extinción
    poblacion1 -= extinciones1
    poblacion2 -= extinciones2

    # Actualizar el número de razas en cada población
    razas.append(poblacion1)
    razas.append(poblacion2)

    # Simular la migración entre poblaciones
    migracion1 = random.randint(0, 10)
    migracion2 = random.randint(0, 10)

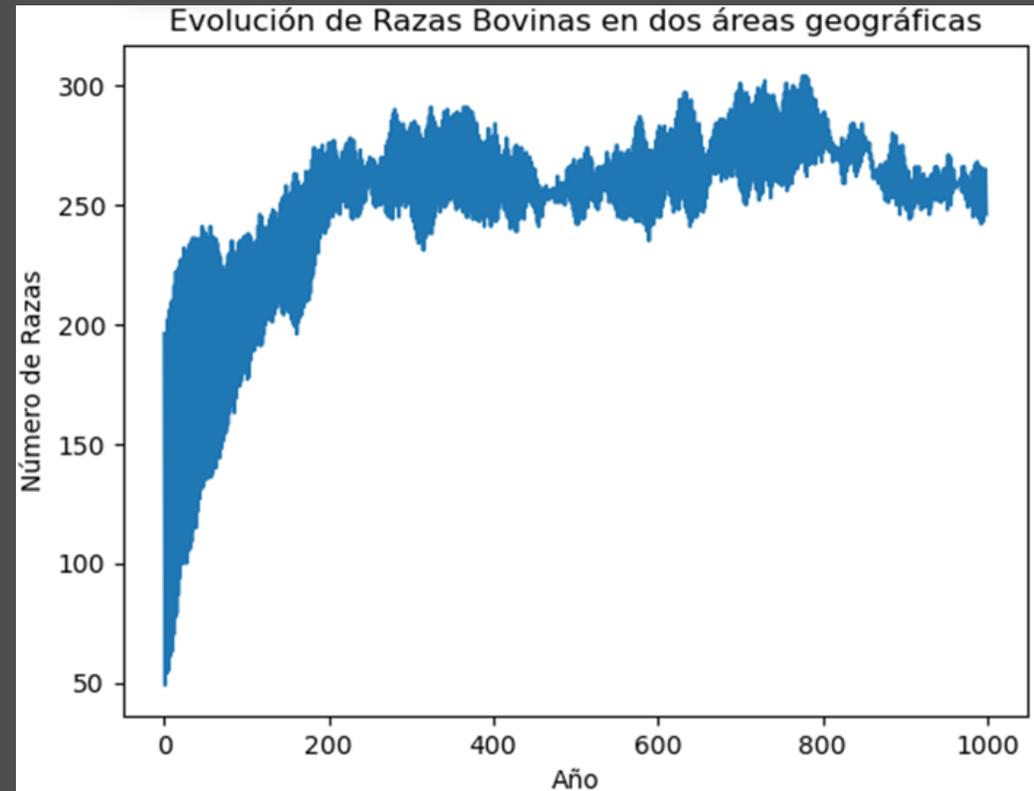
    poblacion1 += migracion2
    poblacion2 += migracion1

# Calcular el número total de razas existentes al final de la simulación
razas_finales = sum(razas[-2:])

# Imprimir el resultado
print(f"El número total de razas al final de la simulación es: {razas_finales}")

# Graficar la evolución del número de razas en cada población a lo largo del tiempo
plt.plot(razas)
plt.xlabel("Año")
plt.ylabel("Número de Razas")
plt.title("Evolución de Razas Bovinas en dos áreas geográficas")
plt.show()

```





PRIMEROS  
INGRESOS DE  
BOVINOS HACIA  
MESOAMÉRICA y  
CENTROAMERICA



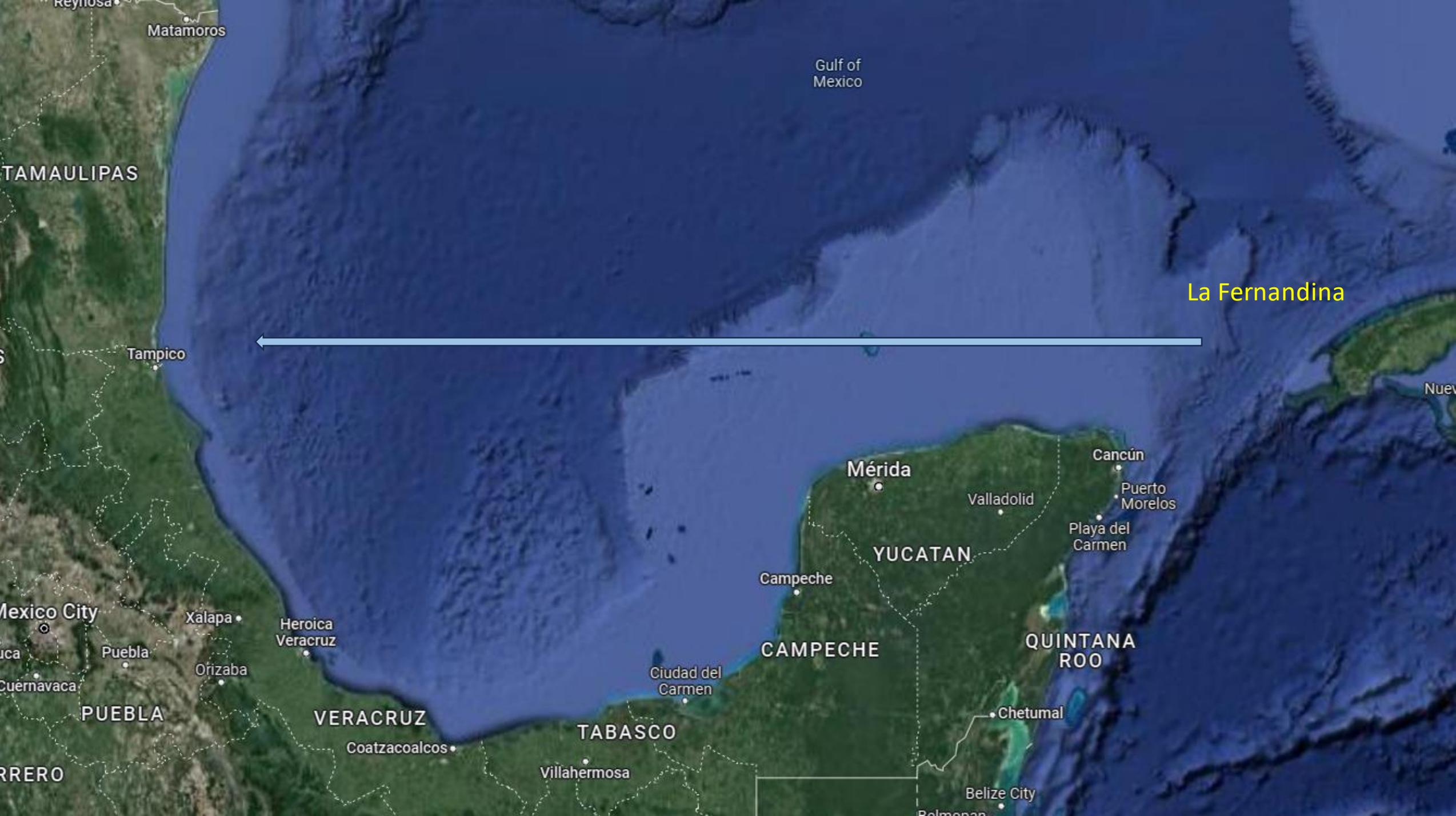
La primera noticia fehaciente de la existencia de bovinos en lo que sería la Nueva España establece que la persona que trajo las primeras cabezas fue “un tal Gregorio Villalobos, quien arribó al actual Tampico en 1521” (De Alba, 2011: 9);

la cita continúa diciendo que un antiguo tratado del siglo XX (Hackett, 1923, vol. 1) “reproduce cartas de Gregorio Villalobos solicitando a la Corona se le reconozcan sus servicios” como la primera persona que trajo ganado bovino a la Nueva España  
*(19) (PDF) La ganadería bovina en el México Colonial Antecedentes históricos y personajes protagónicos de su desarrollo. Available from:*

de los ANIMALES DOMESTICOS LOCALES

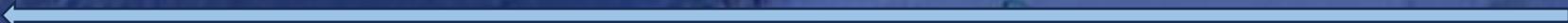
La ganadería bovina en el México Colonial Antecedentes históricos y personajes protagónicos de su desarrollo

Raul Andrés Perezgrovas Garza



Gulf of Mexico

La Fernandina



Matamoros

TAMAULIPAS

Tampico

Mexico City

Xalapa

Heroica Veracruz

Mérida

Valladolid

Cancún

Puerto Morelos

Playa del Carmen

Campeche

YUCATAN

QUINTANA ROO

CAMPECHE

Ciudad del Carmen

Chetumal

PUEBLA

VERACRUZ

TABASCO

Coatzacoalcos

Villahermosa

Belize City

ORRERO



Aeropuerto Internacional de Tampico

Playa Miramar Ciudad Madero

AMPLIACION UNIDAD NACIONAL

Ciudad Madero

PLAYA MIRAMAR

Hotel Tres Soles

Hotel Miramar Inn

UNIDAD NACIONAL

EMILIO GARRANZA

Faro de Playa Miramar Madero

Kraken de Tampico

LOMAS DE ROSALES

TecNM - Campus Ciudad Madero

Hospital Civil Madero

LA BARRA

Ejido el chachalaco

Río Pánuco

PETROLERA

CAT (Central de Autobuses de Tampico)

Tampico

Puente Tampico

Primero de Mayo

Plaza de

## Burgos, Real Cédula de 6 de Septiembre de 1521

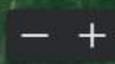
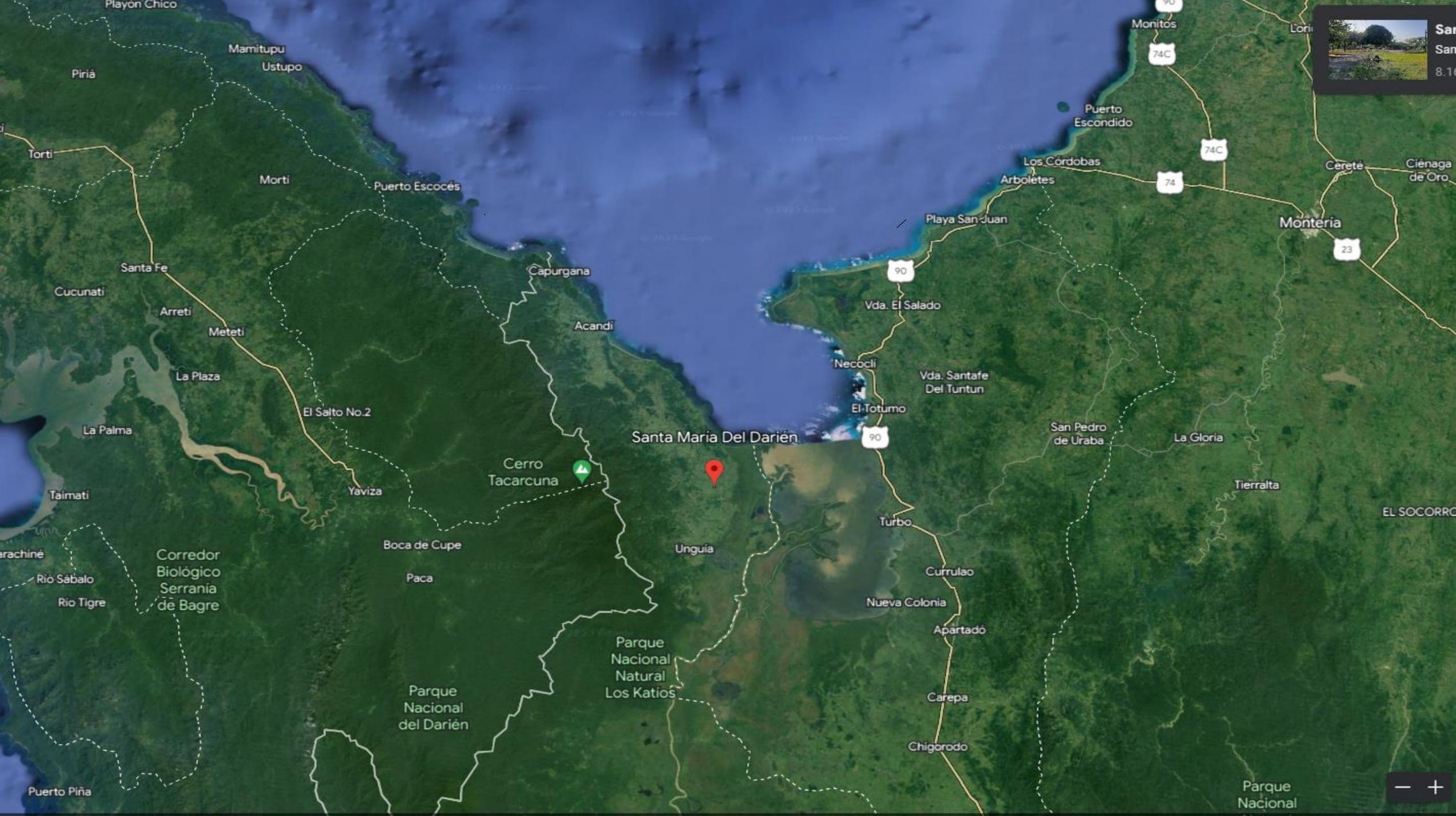
**“...Cédula a la ciudad que den a sus procuradores los \*maravedíes que tenían asignados a Pedrarias Dávila para venir a la corte; que para remediar la escasez de bastimentos se ha mandado a Francisco de Garay; gobernador de la isla de Santiago que ponga a su disposición cincuenta vacas, cincuenta becerras, doscientas ovejas, mil cerdos y dos mil cargas de cazabe para repartir entre los vecinos...”**

de los ANIMALES DOMESTICOS LOCALES

Archivos Españoles. Sevilla.

Signatura: Panamá, 233, L.1, F.288V-290R.

<http://pares.mcu.es/>. Fecha de acceso: 20/08/07



# Gregorio de Villalobos, 1521



LA FERNANDINA

LA ESPAÑOLA

SANTIAGO

Pedrarias Davila, 1528-31

Pedrarias Davila, 1521-27

STA MARTA

STA M<sup>a</sup> LA ANTIGUA

Venezuela

Satellite

Google



# VISTAZO DE ALGUNAS RAZAS BOVINAS CRIOLLAS DE MESOAMÉRICA



CONSERVACION de la BIODIVERSIDAD  
de los ANIMALES DOMESTICOS LOCALES

# Razas Criollas Bovinas Mesoamérica



<b>México</b>	<b>Guatemala</b>	<b>Honduras</b>	<b>El Salvador</b>	<b>Nicaragua</b>	<b>Costa Rica</b>	<b>Panamá</b>
Baja California (Chinampo)*	Barroso (Salmeco)	Nehuaterique	Nehuaterique	Reyna*	Doran*?	Guaymí*
Nayarit (Coreño)	Paisanita		Indio		C.A Dairy? Criollo*	Guabalá*
Chiapas						
Chihuahua						
Poblano (Mixteco)						
Lechero Tropical*						

\*Fuente: DAD-IS



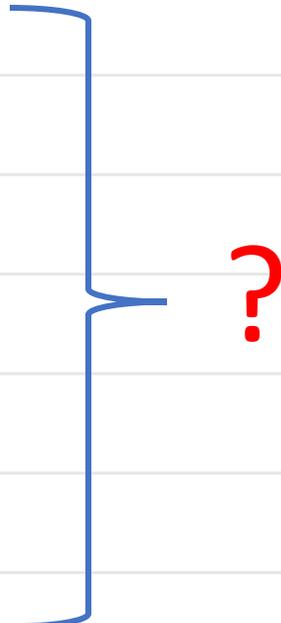
## Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS)

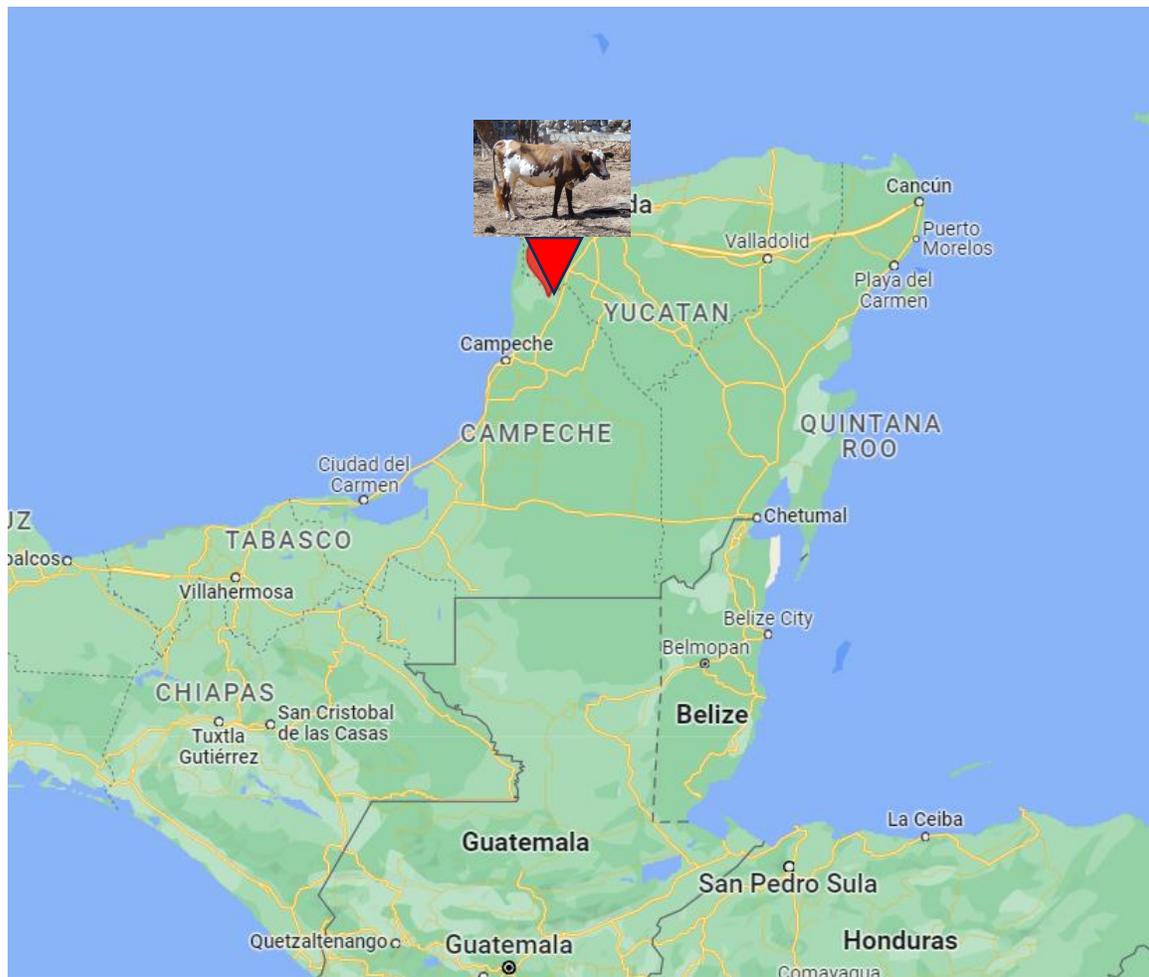
	Data	In Focus	Publications	National Coordinators	Regional/National Nodes
--	------	----------	--------------	-----------------------	-------------------------

### Breed data sheet

# México

Chinampo	
Criollo Lechero Tropical	
Criollo Mexicano	
Criollo de la Sierra Madre Occidental	
Criollo de las montañas del Norte	
Criollo del Golfo	
Criollo del desierto de Baja California	





## Criollo de Nunkiní

Los bovinos criollos de Nunkiní, observados en 1950 por el Dr. Jorge de Alba, persisten en condiciones adversas, mostrando adaptación y resistencia. A pesar de su reducido número, aún se encuentran en esa localidad.

# Guatemala



Ganado Criollo Paisanita: Source: Morales-Cantoral 2021



Barroso/Salmeco (Fuente: FODECYT 045- 2013.)

ASOCIACION de la BIODIVERSIDAD  
RAZAS DOMESTICAS LOCALES

# Barroso (Salmeco) Salvador Melgar Colón

Los animales Barrosos son una variante de pelaje de los criollos centroamericanos. Mientras en Guatemala aumentó la frecuencia de genotipos Barrosos, en Nicaragua predominaron los bayos y rojos.

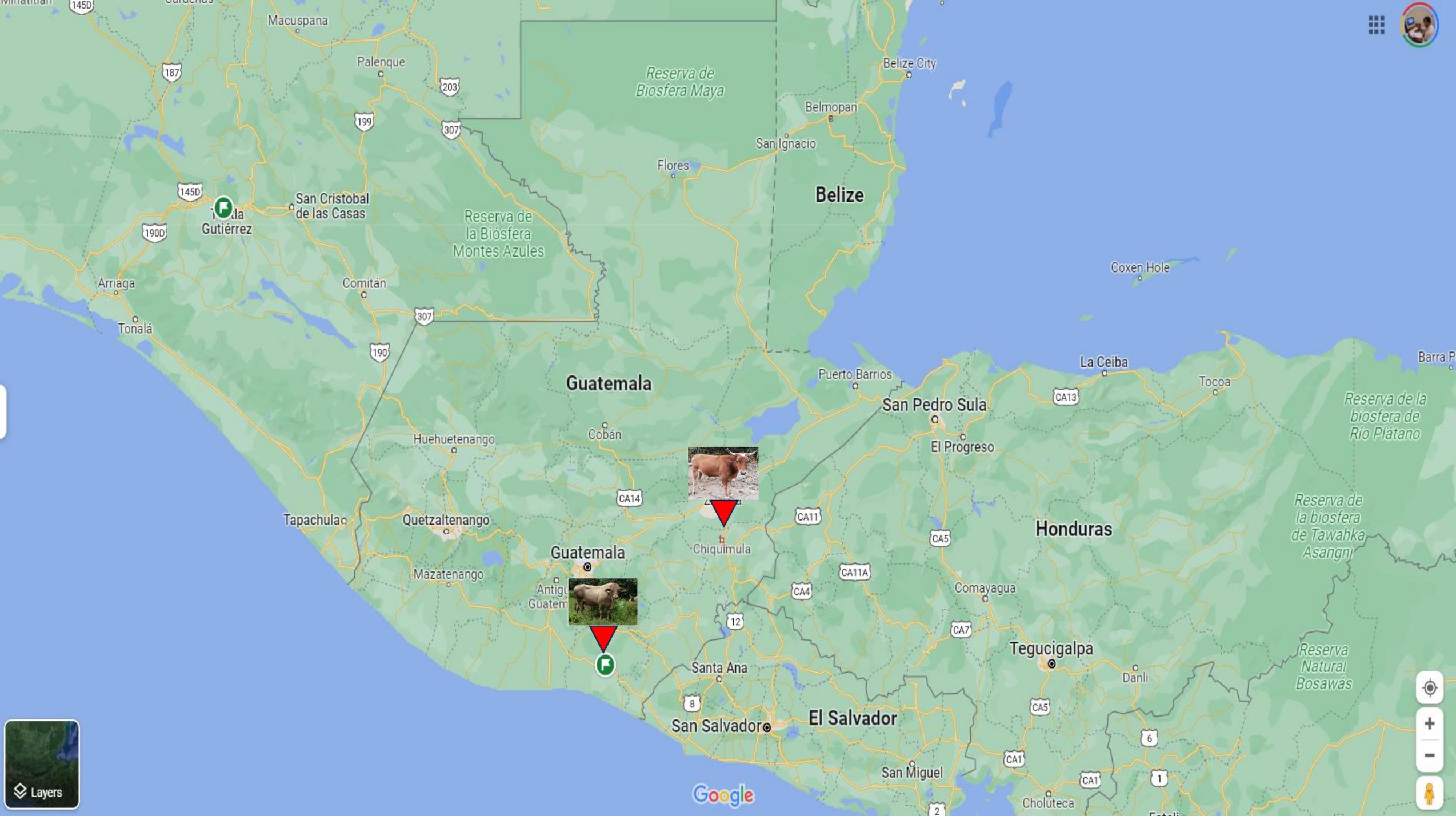
Reconocido por más de 50 años, gracias a **Salvador Melgar Colón**, esta raza bovina única está en riesgo de extinción (Jauregui et al., 2014).

CONSERVACION de la BIODIVERSIDAD  
de los ANIMALES DOMESTICOS LOCALES

# Criollo La Paisanita

En Chiquimula, Guatemala, en la región Ch'orti', se halló un ganado criollo "La Paisanita" adaptado a condiciones adversas y manejo mínimo. Es mantenido principalmente por familias rurales, conservando así este recurso genético animal (Morales-Cantoral, 2021).

CONSERVACION de la BIODIVERSIDAD  
de los ANIMALES DOMESTICOS LOCALES



Reserva de Biosfera Maya

Belize

Reserva de la Biosfera Montes Azules

Guatemala

Honduras

Reserva de la biosfera de Río Plátano

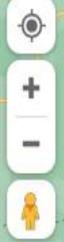
Reserva de la biosfera de Tawahka Asangni

Reserva Natural Bosawás

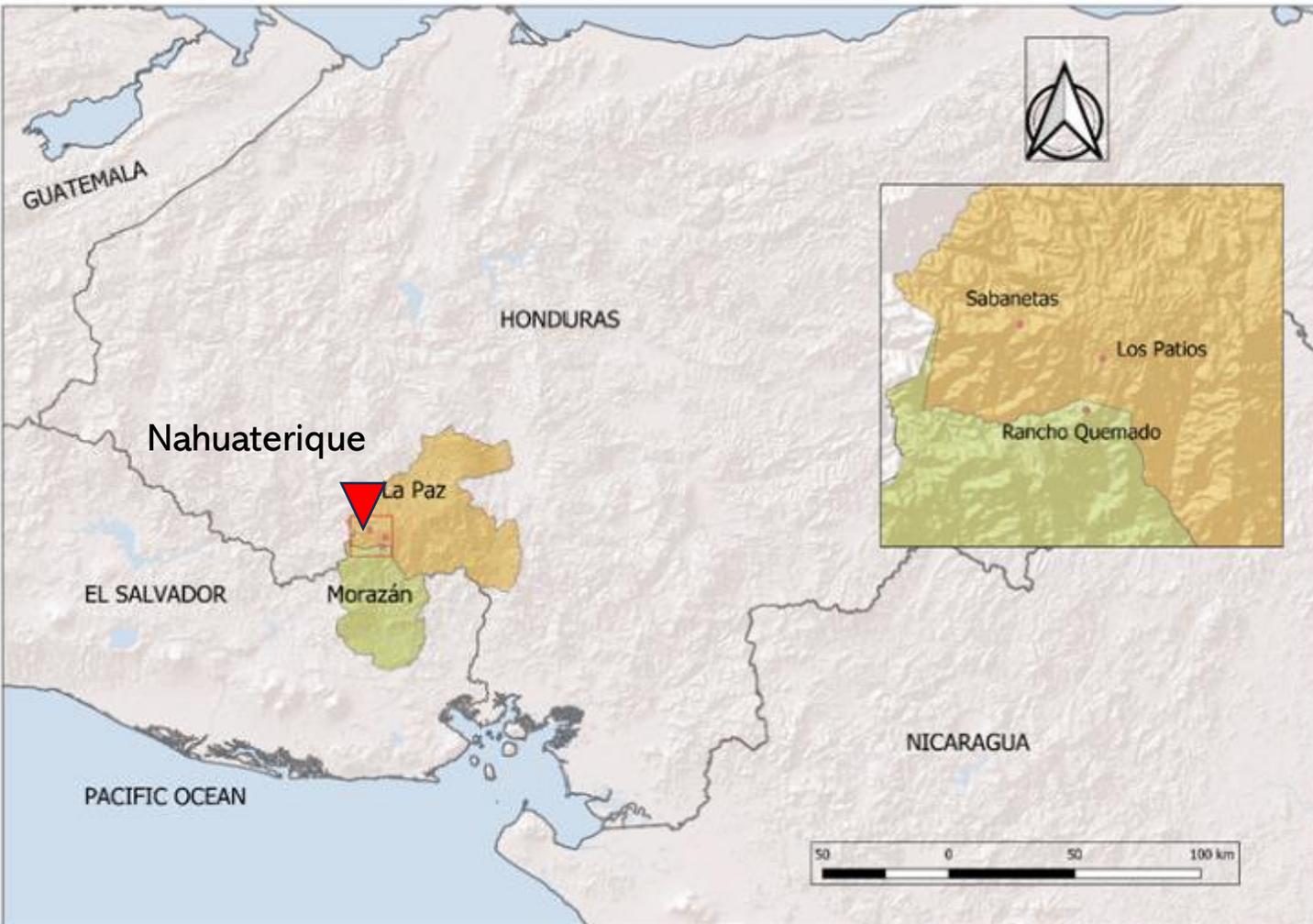


Google

Layers

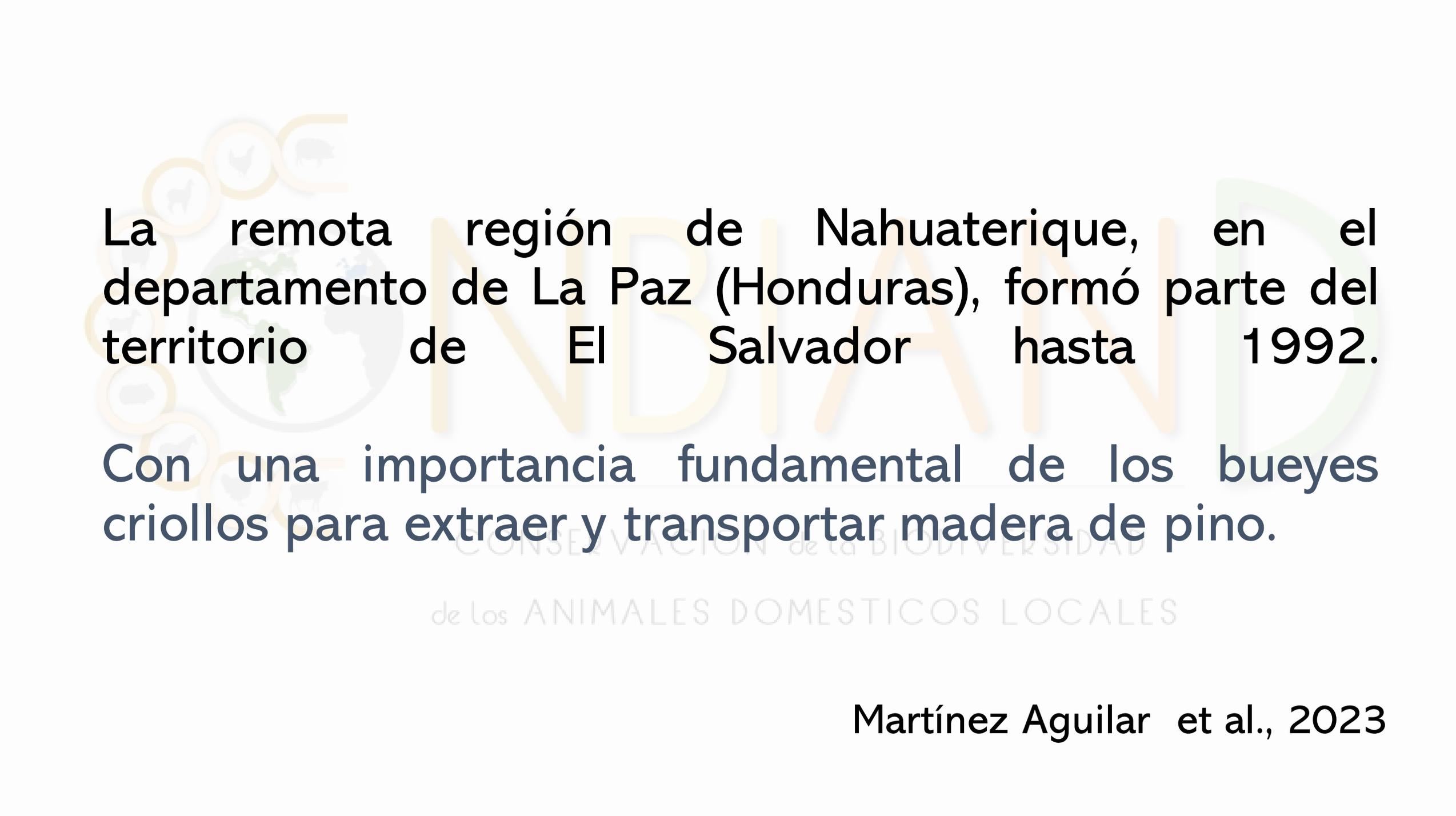


# Honduras-El Salvador



Criollo de Nahuaterique Ever Alexis Martinez Aguilar

BIODIVERSIDAD  
ESTRATEGIAS LOCALES



La remota región de Nahuaterique, en el departamento de La Paz (Honduras), formó parte del territorio de El Salvador hasta 1992.

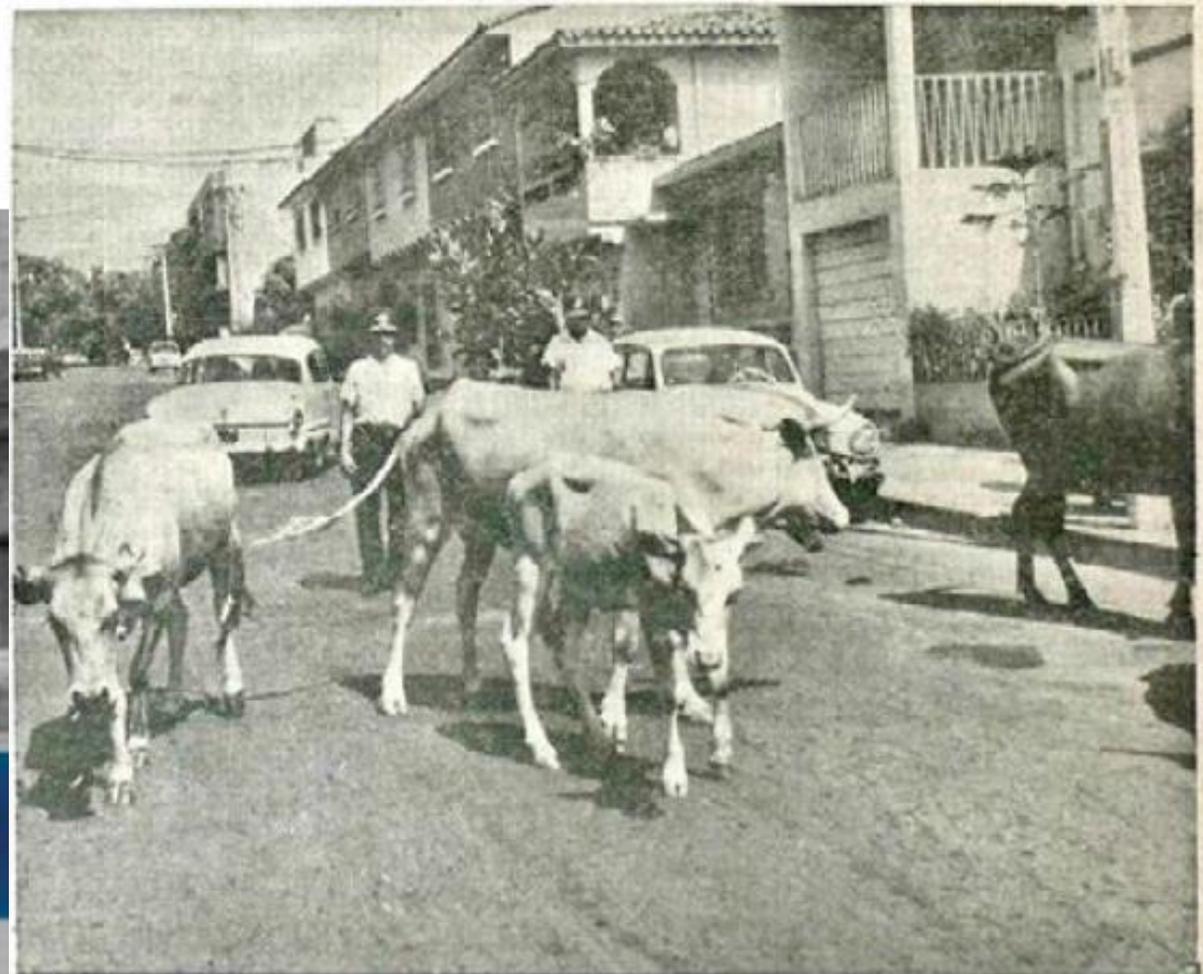
Con una importancia fundamental de los bueyes criollos para extraer y transportar madera de pino.

Martínez Aguilar et al., 2023

# El Salvador



Carreta con bueyes criollos, Centro de San Salvador. Fuente: La Prensa Gráfica, 1954



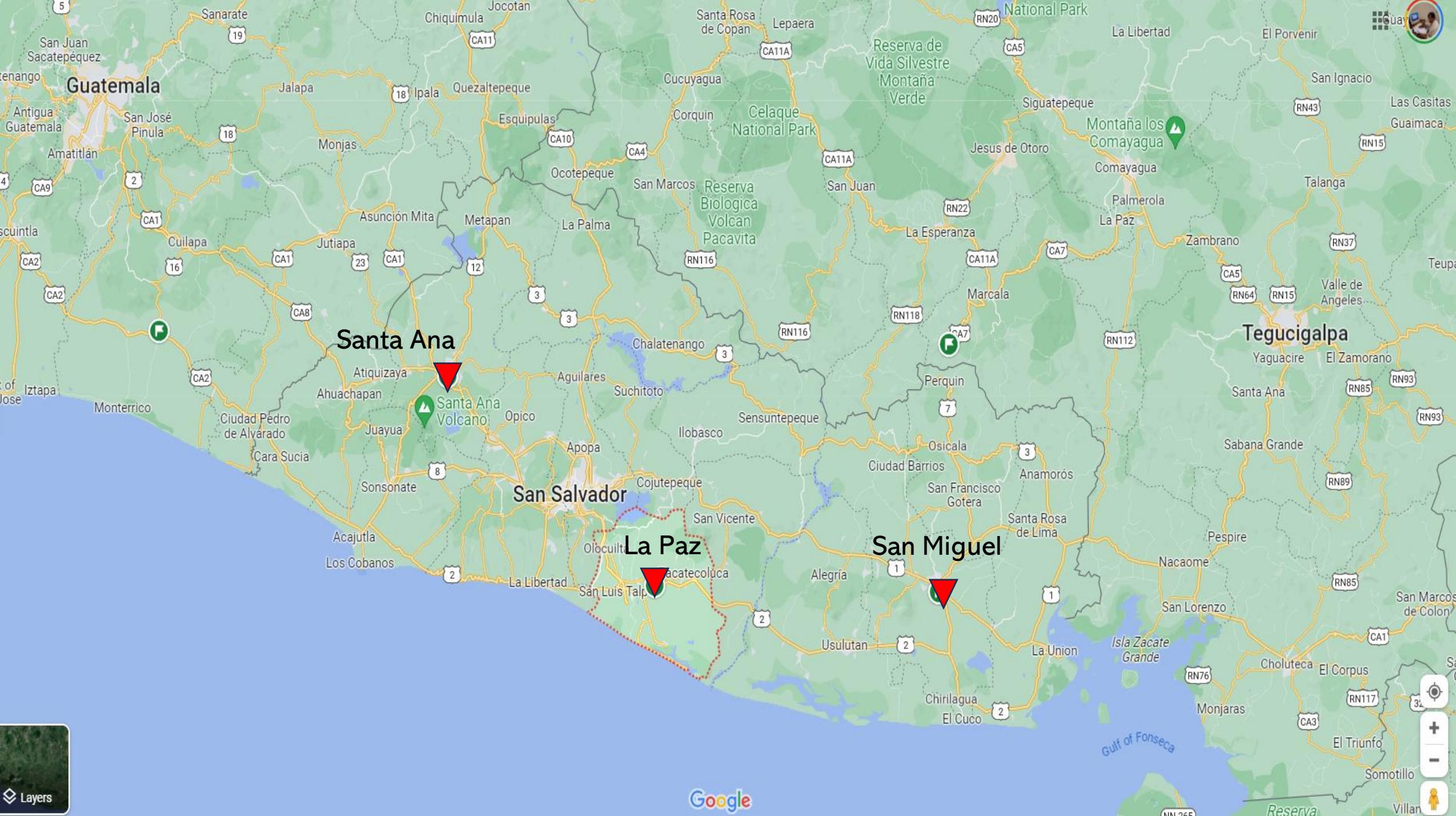
RESES EN PLENA CIUDAD. — A cada momento, todos los días, partidas de ganado recorren las calles de San Salvador, con la consiguiente molestia para conductores de vehículos y viandantes. Ayer policías municipales capturaron en la Colonia Layco estos bueyes y terneros que vagaban por ese sector. (Foto de Alvarez).

Bovinos Criollos del tipo Ibérico en San Salvador. Fuente: El Diario de Hoy, 1966

El único estudio formal sobre el Ganado Criollo en El Salvador fue realizado por Calles (1971), quien encontró poblaciones en peligro de extinción de bovinos criollos en los departamentos de Santa Ana, La Paz y San Miguel.

En la actualidad, se asume que el Ganado Criollo está completamente asimilado mediante el cruce con Brahman y otras razas especializadas (Martínez Aguilar 2020).

de los ANIMALES DOMESTICOS LOCALES



**Santa Ana**

**Santa Ana Volcano**

**San Salvador**

**La Paz**

**San Miguel**

**Tegucigalpa**

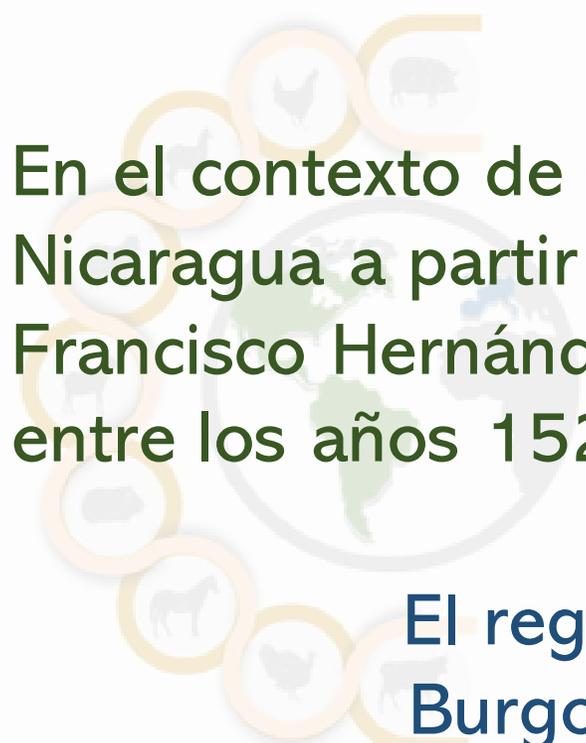
# Nicaragua



Ganado Reyna (Hernández-Baca 2014)



BIODIVERSIDAD  
TICOS LOCALES



En el contexto de Centroamérica, el ganado Reyna se originó en Nicaragua a partir de ganado procedente de Panamá por iniciativa de Francisco Hernández de Córdoba, quien llevó a cabo este traslado entre los años 1524 y 1526.

El registro oficial de este evento se efectuó en la ciudad de Burgos, España, el 20 de diciembre de 1527, cuando se le concedió la autorización a Pedrarias Dávila para llevar toda su ganadería desde Panamá hasta Nicaragua.

Hernández-Baca 2014



Fuente: Boyeotico, Facebook

# COSTA RICA



Raza introducida cerca de 1840, se cree que vienen de Inglaterra, del condado de Durham y cuyos descendientes se modificó el nombre hasta Doran. Miguel Salguero, La Nación 13 de julio 1972



# Panamá

GUAYMÍ



IN de la BIODIVERSIDAD  
DOMESTICOS LOCALES

GUABALÁ

Buscar 

# PRESENCIA DE GUAYMÍ Y GUABALÁ EN PANAMÁ



Guaymí

Guabalá

Sugerir un cambio



# SITUACIÓN GENERAL DE PAM y ODS, DESDE EL PUNTO DE VISTA DEL GRULAC

ODIVERSIDAD  
COS LOCALES

# 2 HAMBRE CERO



2.1. Hambre cero y asegurar alimentación 3S



2.2. Poner fin a todas las formas de malnutrición



2.3. Duplicar productividad agrícola a pequeña escala



2.4. Prácticas agrícolas sostenibles y resilientes



2.5. Mantenimiento de la diversidad genética



2.A. Inversión en infraestructuras, investigación y desarrollo agrario



2.B. Estabilidad mercados agropecuarios mundiales



2.C. Control volatilidad de precios de los alimentos

## ODS 2.5

# Mantener La Diversidad Genética

Bancos a nivel nacional, regional e internacional, y promover el acceso a los beneficios que se deriven de la utilización de los recursos genéticos y los conocimientos tradicionales conexos y su distribución justa y equitativa, según lo convenido internacionalmente

## **Indicador 2.5.2 - Proporción de razas y variedades locales consideradas en riesgo de extinción**

**Este indicador presenta la proporción de razas y variedades locales consideradas en riesgo de extinción en un momento determinado, así como las tendencias. Este indicador mide los avances hacia la realización de la meta del ODS 2.5**

**GRULAC**

AND

le la BIODIVERSIDAD  
ESTICOS LOCALES

**Países miembros 33**  
**Países que reportaron 10**  
**30.3%**



# El estado de riesgo de una raza

El estado de riesgo de una raza informa a todas las partes interesadas sobre si deben emprenderse actuaciones, y con qué urgencia.

Gandini et al. (2004) definen «grado de peligrosidad» como «cuantificar la probabilidad de que, en las circunstancias y expectativas actuales, la raza se extinga»

# Categorías de riesgo de DAD-IS



Es toda raza clasificada en situación crítica, crítica mantenida, en peligro o en peligro mantenida

En peligro mantenidas aquellas que cuentan con programas de conservación

Reproductoras  $> 100$  o  $< o = a 1\ 000$  o el número Reproductores  $< o = a 20$  y mayor que cinco

**Poblaciones en situación crítica para las que existen programas de conservación en funcionamiento**

**Hembras reproductoras  $< o = a 100$  o machos reproductores  $< o = a cinco$  o total  $< o = a 120$**

No existen machos reproductores o hembras reproductoras



# MODALIDADES DE CONSERVACIÓN

INSTRUMENTOS de la BIODIVERSIDAD  
DOMESTICOS LOCALES

# CONSERVACIÓN *IN SITU IN VIVO*

Animales que mantienen su localización original, y las mismas condiciones de manejo. Es la estrategia de conservación mas frecuente.

***Existe el manejo normal y activo***

# CONSERVACIÓN *IN SITU IN VIVO*

## Manejo Normal

Ganaderos crían sus rebaños para fines habituales, mantiene la diversidad interna de la raza.

## Manejo Activo

Común en criadores y centros de cría.  
Se aplica para mantener y mejorar una raza.

# CENTRO DE ORIGEN DEL BOVINO CRIOLLO GUABALÁ

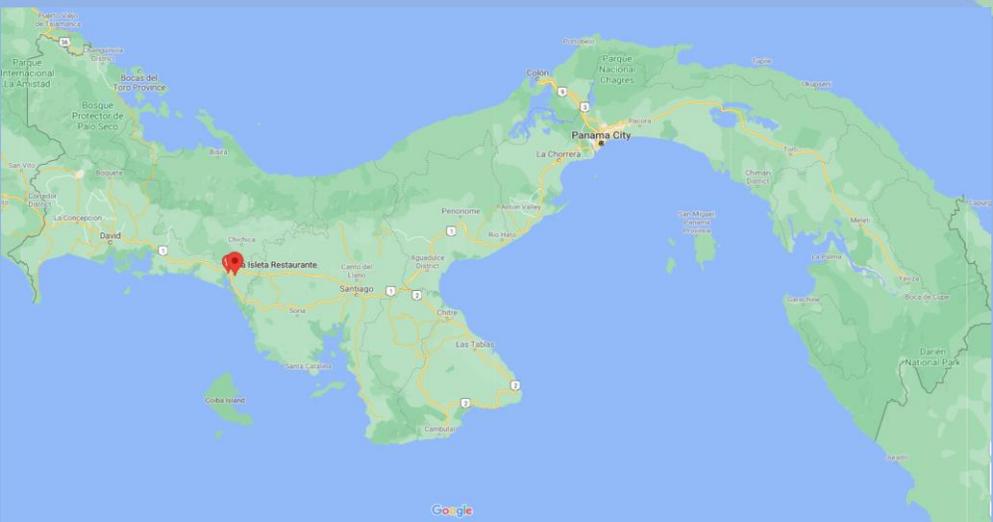


El Nancito



Tolé

Guabalá



# EL NANCITO, REMEDIOS



# CONSERVACIÓN *EX SITU IN VIVO*

Se mantiene alejada de su zona de origen y de sus condiciones habituales.

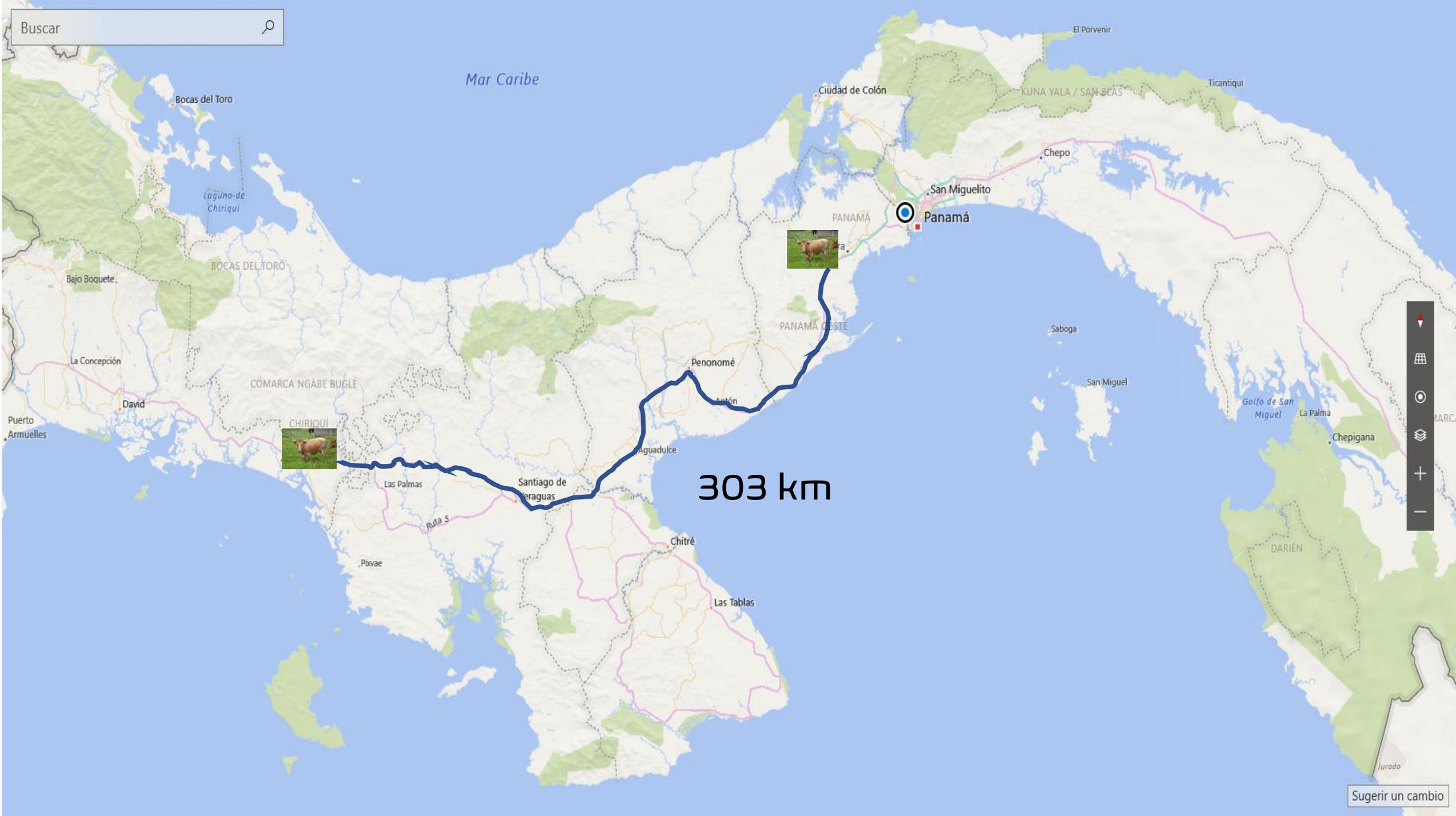
Normalmente es un centro de conservación o zoológico donde existen los animales puros.

CONSERVACIÓN de la BIODIVERSIDAD  
de los ANIMALES DOMESTICOS LOCALES

Buscar



Mar Caribe



303 km



Sugerir un cambio

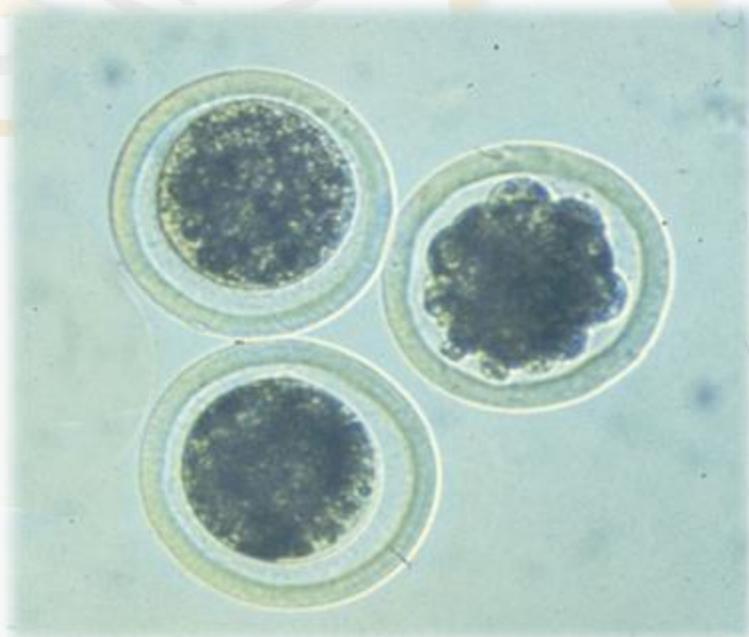
# Centro de Conservación Criollo Guabalá en Ollas Arriba de Capira



# CONSERVACIÓN *EX SITU IN VITRO*

Se preservan diversos tipos de tejido mediante la crioconservación como semen, ovocitos, embriones, huevos u otro tipo de tejido.

Este método de conservación presenta un gran potencial en la constitución de banco de germoplasma.



VACIO  
MALES D

# ¿Cuál método utilizar?

Depende de la raza y la situación, sin embargo, dentro de lo posible es recomendable un planteamiento combinado:

- *In Situ In Vivo* (En Fincas)
- *Ex Situ In Vivo* (Centros de Conservación)
- *Ex Situ In Vitro* (Criopreservación)

## Métodos para recopilar datos para el indicador 2.5.2

Para recopilar datos necesarios para este indicador es necesario utilizar diversos conjuntos de métodos:

mapeo, trayecto, encuestas de vivienda, entrevistas, asociaciones de criadores, recorrido aéreo, búsqueda de razas, informadores clave, valoración rápida.



**Sin embargo, las dos fuentes de datos más confiables son:**

- **Censos de razas**
- **Asociaciones de criadores**

América Latina es una región con **grandes desafíos** para contar con información detallada sobre la demografía de sus razas

- Declarado déficit de personal técnico especializado en conservación.
- No disponibilidad de presupuestos específicos.
- Escasa organización de las razas locales.
- Difícil acceso a las granjas.

Algunos efectos de estas carencias nos llevan a esto...

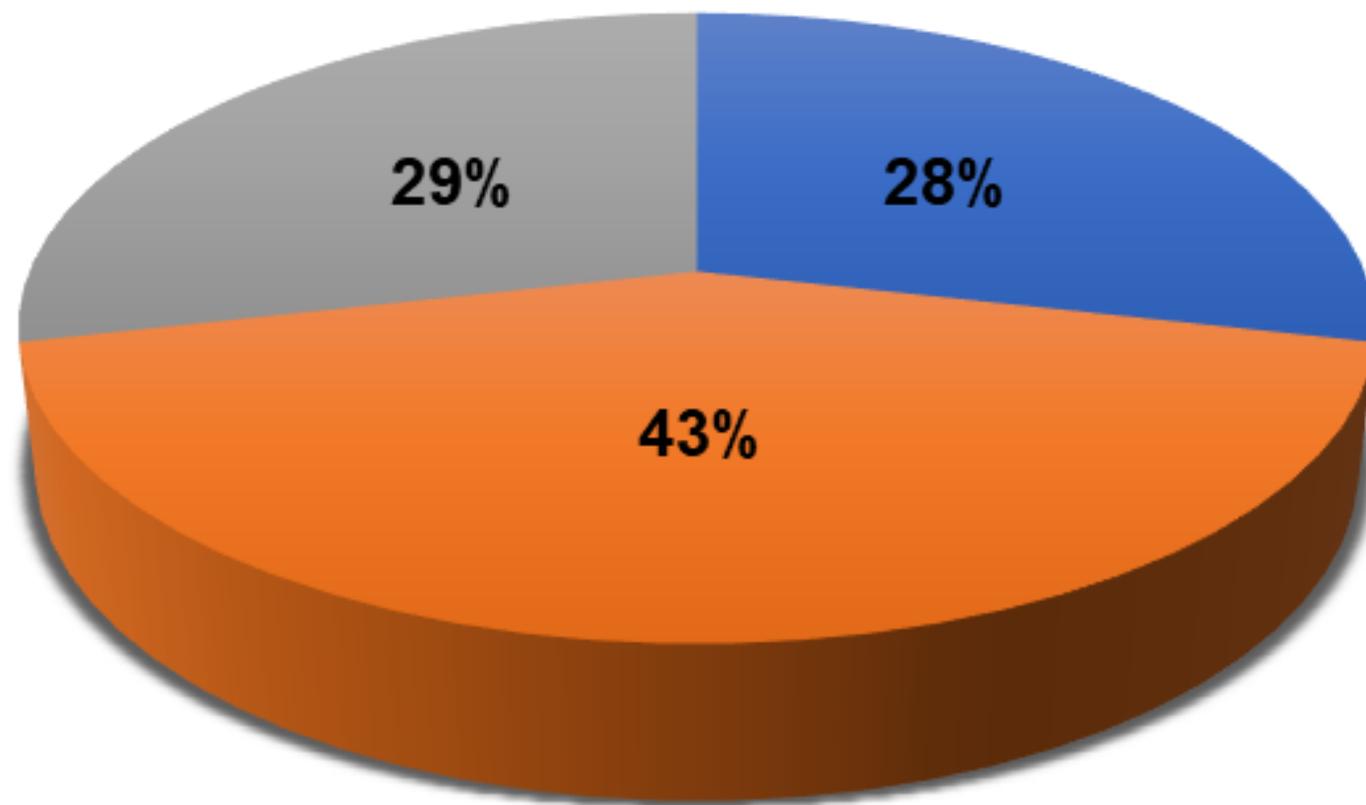


# EL PROBLEMA DEL ESTADO DE RIESGO “DESCONOCIDO” Y POSIBLES MEDIDAS A TOMAR

---

CONSERVACION de la BIODIVERSIDAD  
de los ANIMALES DOMESTICOS LOCALES

## INVENTARIO DE RAZAS



■ INVENTARIO COMPLETO

■ INVENTARIO PARCIAL

■ SIN PROGRESOS

[Plenarias](#)[Países](#)[Sitios](#)[Documentos](#)

## Seleccione un país para acceder a los datos de contacto de su Representación Pemanente y su perfil de país FAO

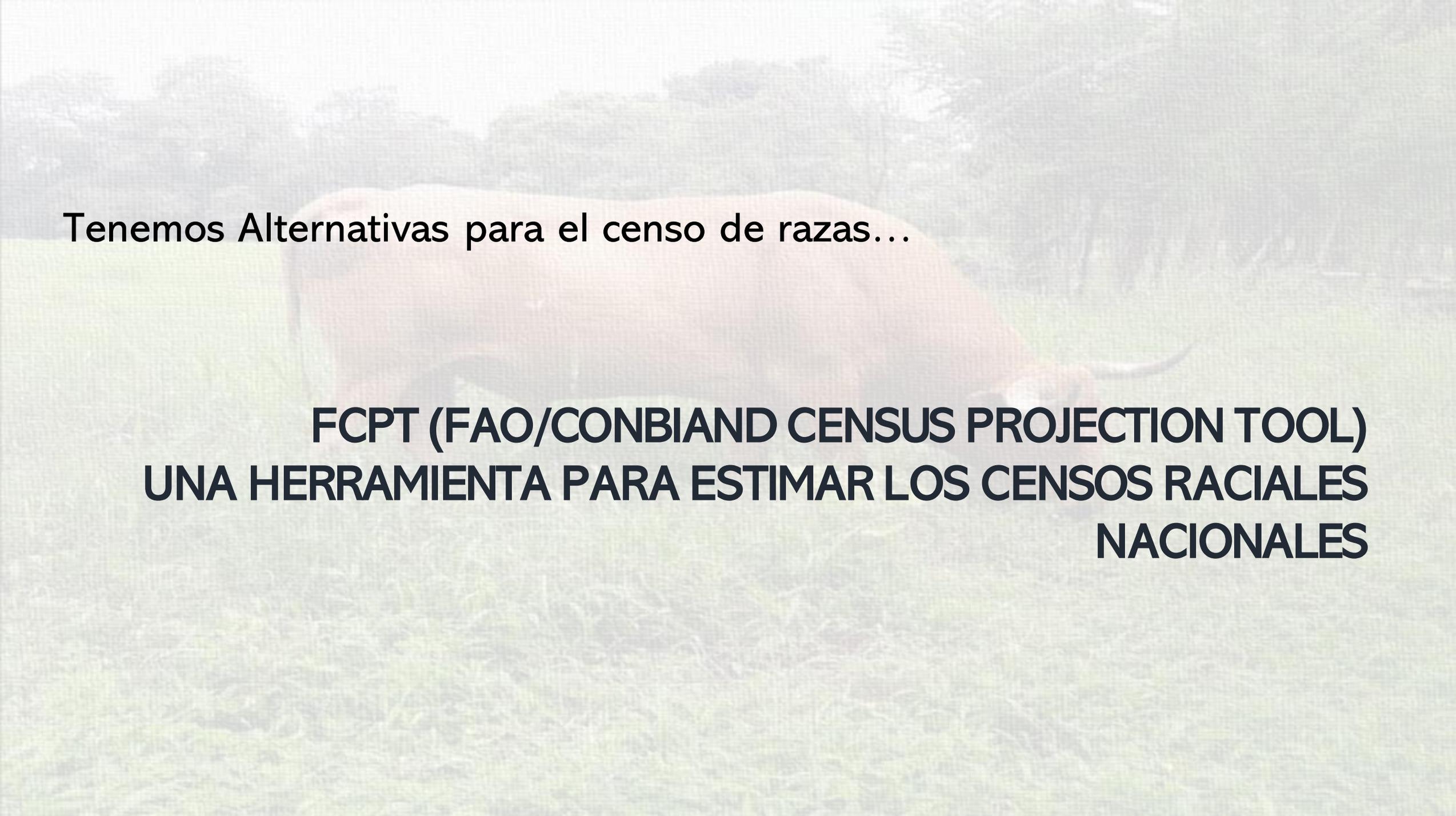
[Antigua y Barbuda](#)[Argentina](#)[Bahamas](#)[Barbados](#)[Belize](#)[Bolivia](#)[Brasil](#)[Chile](#)[Colombia](#)[Costa Rica](#)[Cuba](#)[Dominica](#)[República Dominicana](#)[Ecuador](#)[El Salvador](#)[Granada](#)[Guatemala](#)[Guyana](#)[Haití](#)[Honduras](#)[Jamaica](#)[México](#)[Nicaragua](#)[Panamá](#)[Paraguay](#)[Perú](#)[San Cristóbal y Nieves](#)[San Vicente y las Granadinas](#)[Santa Lucía](#)[Surinam](#)[Trinidad y Tobago](#)[Uruguay](#)[Venezuela](#)

- Mantener actualizados los datos de las razas (DAD-IS u otras bases de datos)
- Realizar censos de ganado a nivel de raza
- Implementar encuestas para recoger datos de población
- ¿Puntos Focales Nacionales?

# Censo de Ganado

La mayoría de Estos censos nacionales casi nunca llegan a desglosarse por razas, por tanto, se desconoce en ellos la situación de amenaza de las poblaciones más desfavorecidas.

CONSERVACION de la BIODIVERSIDAD  
de los ANIMALES DOMESTICOS LOCALES

A blurred background image of a person, possibly a woman, in a field. The person is wearing a light-colored top and is looking down. The background consists of green grass and trees.

Tenemos Alternativas para el censo de razas...

**FCPT (FAO/CONBIAND CENSUS PROJECTION TOOL)  
UNA HERRAMIENTA PARA ESTIMAR LOS CENSOS RACIALES  
NACIONALES**

Anotar los datos

Para introducir los datos debe

- 1.- Seleccionar: La especie, raza, área y subárea.
- 2.- Complete los datos de número de machos y de hembras (escriba los números sin signos para separar miles)
- 3.- Pulse Aceptar >>

Seleccione Especie, Raza, Área y Subárea

Especies declaradas

IdEsp	Especie
9	BOVINO
10	CAPRINOS
11	OVINOS
12	CERDOS

Razas

IdRaz	Raza
17	GUAYMI
18	GUABALA
19	BRAHMAN
20	INDOBRASIL
21	SENEPOL

Áreas de estudio

IdAre	Área
11	ZN1 ARCO SECO
12	ZN2 SEQUIA INTERME...
13	ZN3 SEQUIA LIVIANA
14	ZN4 SEQUIA MINIMA
15	ZN5 EXCESO DE LLUVIA

Subáreas de estudio

IdMun	Subárea
*	

Selección

Especie **BOVINO** Raza **GUAYMI** Área  Subárea

Número de animales de esta raza en esta subárea

Datos registrados

IdDat	Área	Subárea	Especie	Raza	Nº Animales
45	ZN1 ARCO SECO	PARITA CABECERA	BOVINO	HOLSTEIN	307
47	ZN1 ARCO SECO	PARITA CABECERA	BOVINO	BRAHMAN	151
48	ZN1 ARCO SECO	PARITA CABECERA	OVINOS	BLACK BELLY	3
313	ZN1 ARCO SECO	PARITA CABECERA	BOVINO	GYROLANDO	1
312	ZN1 ARCO SECO	PARITA CABECERA	BOVINO	PARDO SUIZO	56
317	ZN1 ARCO SECO	LAS CABRAS	CAPRINOS	SAANEN	53
318	ZN1 ARCO SECO	LAS CABRAS	CAPRINOS	NUBIA	6
319	ZN1 ARCO SECO	LAS CABRAS	CAPRINOS	TOGGENBURG	5
320	ZN1 ARCO SECO	LAS CABRAS	CAPRINOS	ALPINA	5
93	ZN1 ARCO SECO	EL ROBLE	BOVINO	SENEPOL	43
94	ZN1 ARCO SECO	EL ROBLE	BOVINO	GYR	2
95	ZN1 ARCO SECO	EL ROBLE	BOVINO	BRAHMAN	71
96	ZN1 ARCO SECO	EL ROBLE	BOVINO	HOLSTEIN	1

Modificar registro

Eliminar registro

Filtrar datos registrados por:

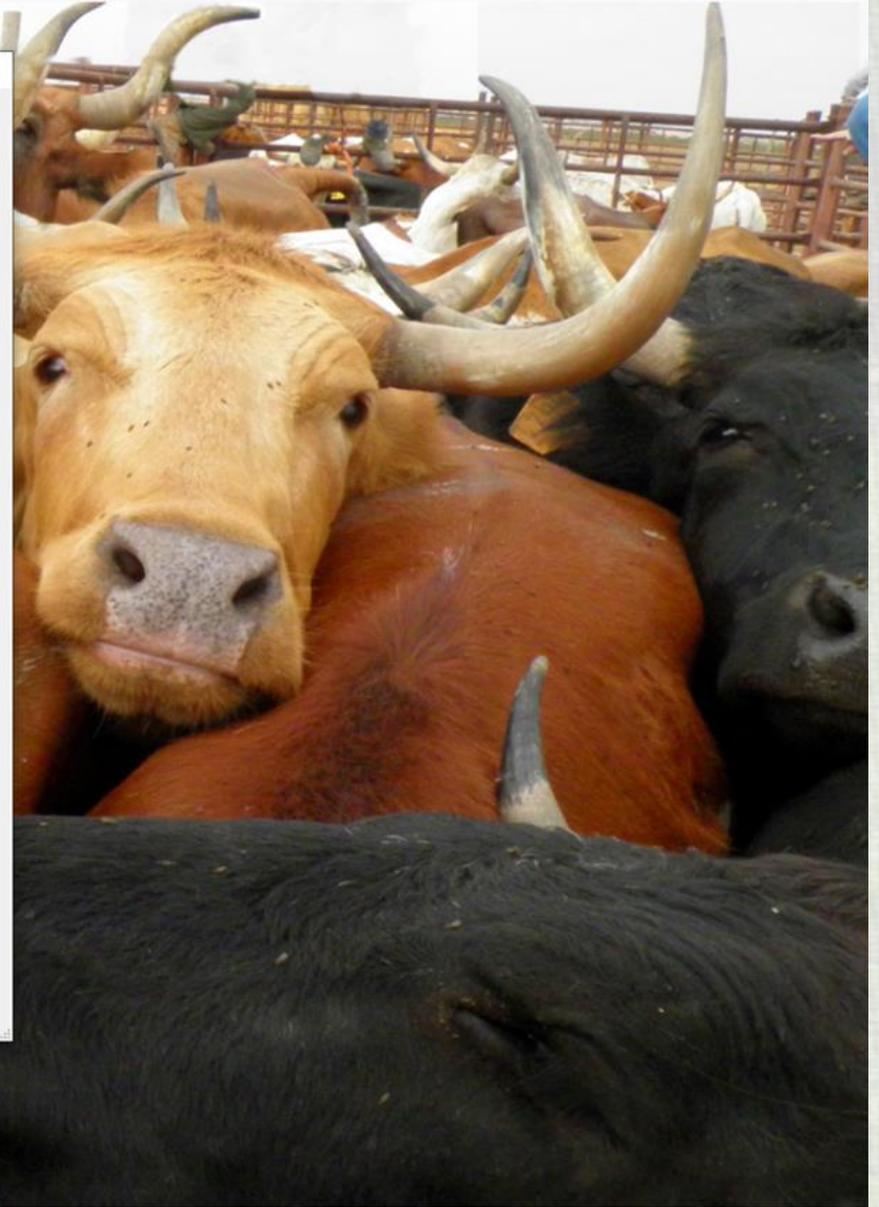
Primeros dígitos de área:  **Filtrar**

Primeros dígitos de subárea:  **Filtrar**

Primeros dígitos de especie:  **Filtrar**

Primeros dígitos de raza:  **Filtrar**

Quitar filtros



## Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS)

- Home
- Data
- In Focus
- Publications
- National Coordinators
- Regional/National Nodes

### Breed data sheet

Country: 
 Species:

#### Panama, Cattle

- Angus
- Ayrshire
- Beefmaster
- Belgian Blue
- Blonde D'Aquitaine
- Brahman
- Brangus
- Braunvieh
- Charolais
- Girolando

[DAD-IS Domestic Animal Diversity Information System](#)

[HOME](#)
[ORGANISATIONS](#)
[DATA EXPORT](#)

[Panama](#) > [Cattle](#) > [Guaymi](#)

[GENERAL INFORMATION](#)
[BASIC CHARACTERISTICS](#)
[POPULATION SIZE](#)
[PERFORMANCE DATA](#)
[CONSERVATION PROGRAMME](#)
[ORGANISATIONS](#)
[PUBLICATIONS](#)

### Name

Most common name: **GUAYMI**  
 Language: **SP**  
 Transboundary breed name: **CREOLE**  
 Geographical classification: **INTERNATIONAL**  
 Risk level: **High**  
 Description: *Se originó en el área que comprende la comarca indígena Ngöbe-buglé en la zona montañosa de la provincia Chiriquí y se ha identificada una diversidad de colores como berrendo en negro, berrendo colorado, ceñizo negro, negro cariblanco y presenta diversidad en el tamaño de pelo. El tamaño promedio es de 1.20 m a la altura de la cruz y 1.79 m de longitud corporal. Al nacer pueden llegar a pesar 27 y 28 kg hembras y machos respectivamente y un peso adulto de 465 kg. Se desconoce exactamente la población total ya que se encuentra ubicado en áreas de difícil acceso, sin caminos de penetración.*



Year: 2011  
 Caption: MACHO GUAYMI  
 Locality: RIO HATO  
 Gender: MALE  
 Photo credit: AXEL VILLALOBOS CORTES

### Other names

No other names...

### Uses

[DAD-IS Domestic Animal Diversity Information System](#)

[HOME](#)
[ORGANISATIONS](#)
[DATA EXPORT](#)

[Panama](#) > [Cattle](#) > [Guabalá](#)

[GENERAL INFORMATION](#)
[BASIC CHARACTERISTICS](#)
[POPULATION SIZE](#)
[PERFORMANCE DATA](#)
[CONSERVATION PROGRAMME](#)
[ORGANISATIONS](#)
[PUBLICATIONS](#)

### Name

Most common name: **GUABALA**  
 Language: **SP**  
 Transboundary breed name: **GUABALA**  
 Geographical classification: **LOCAL**  
 Risk level: **High**  
 Description: *La población bovina Guabalá fue identificada en 2006 en manos de productores de la región de Remedios y Toié provincia de Chiriquí y también en la zona de El Valle de Antón, en la provincia de Coclé y es objeto de estudio debido a su buena adaptación a estas regiones. Las características fenotípicas de la población Guabalá son: color rojo, berrendo en colorado y rubio. Aspecto robusto y cuartos traseros bien proporcionados, con cabeza grande y alargada. También orejas pequeñas con comarmenta larga y punta filosa. Existe un núcleo de conservación de Bovinos Guabalá en la Zona de Ollas Arriba en Capira, en la Provincia de Panamá Oeste bajo la responsabilidad del IDIAP, Instituto de Investigación Agropecuaria de Panamá.*

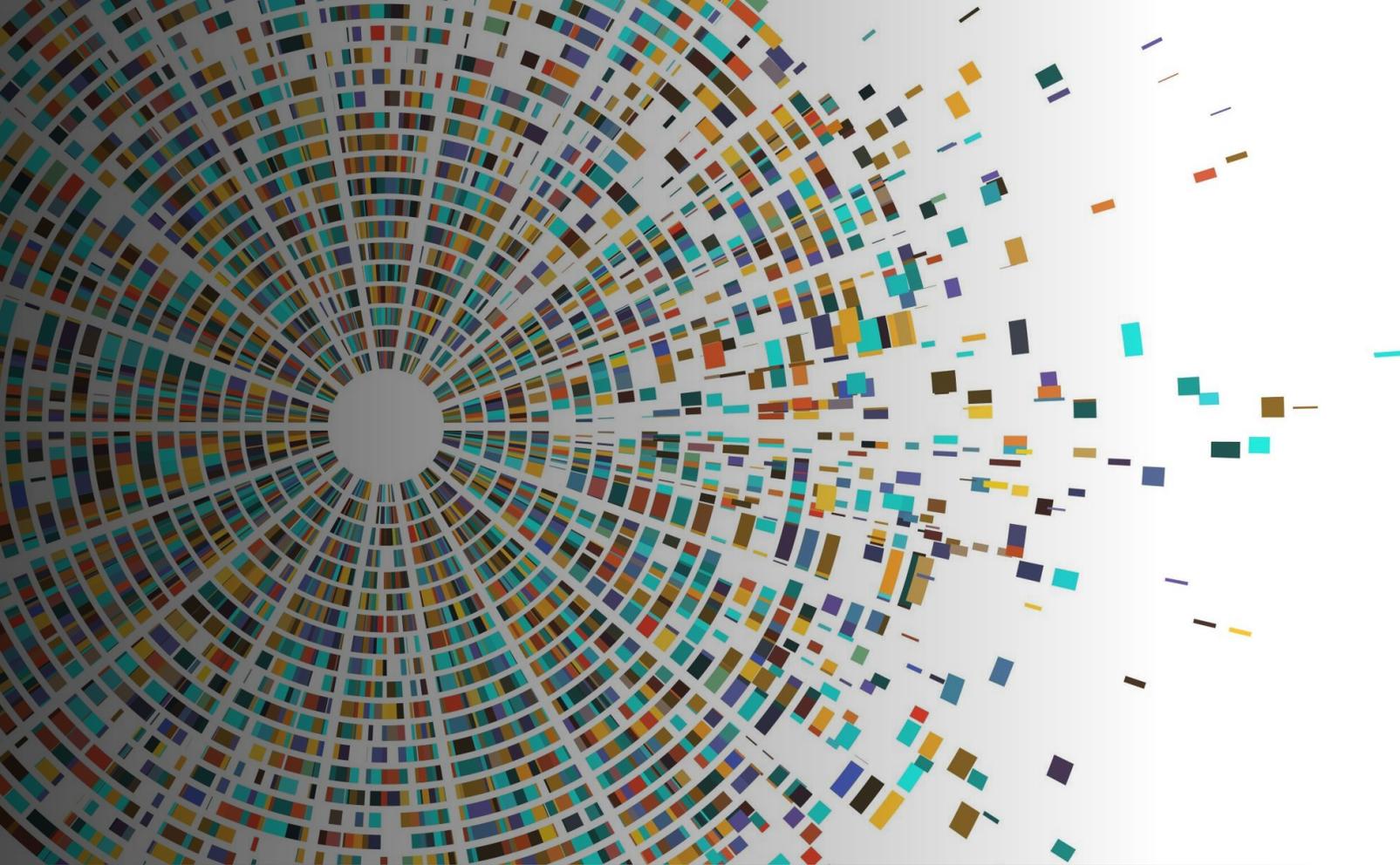


Year: 2006  
 Caption: HEMBRA GUABALA  
 Locality: GUABALA CHIRIQUI  
 Gender: FEM  
 Photo credit: AXEL VILLALOBOS CORTES

### Other names

No other names...

### Uses



# LAS REDES DE COOPERACIÓN



Genetic diversity and patterns of population structure in Creole goats from the Americas

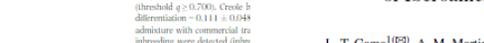
C. Ginja\*, L. T. Gama\*, A. Martinez\*, N. Sevane\*, I. Martin-Burriel\*, M. R. Lanari\*, M. A. Revidatti††, J. A. Aranguren-Mendez‡‡, D. O. Bedotti§§, M. N. Ribeiro\*, P. Sponenberg\*\*\*, E. L. Aguirre†††††, L. A. Alvarez-Franco‡‡‡, M. P. C. Mendes§§§, E. Chacon¶¶, A. Galarza\*\*\*\*, N. Gomez-Urviola††††, O. R. Martinez-Lopez‡‡‡, E. C. Pimenta-Filho§§§, L. L. da Rocha¶¶, A. Stemmer\*\*\*\*, V. Landi\* and J. V. Delgado-Bermejo\*

\*CIBIO-IBIBO - Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos, Universidade do Porto, Campus Agrário de Vairão, Rua Padre Armando Quintas n. 7, 4489-661 Vairão, Portugal; ††CIA, Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad de La Plata, La Plata, Pcia. de Buenos Aires, Argentina; ‡‡FAO Centro Alameda del Chino, Avda. Montevideo 1614, 14004-Córdoba, Spain; §§Departamento de Producción Animal, Universidad Complutense de Madrid, Madrid, Spain; ¶¶Mariano Burriel, Laboratorio de Genética Biológica, Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, Zaragoza, Spain; \*\*Área de Producción Animal, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INIA), Bariloche, Argentina; †††Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste, Corrientes, Argentina; ††††Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Zulia, Maracaibo-Zulia, Venezuela; †††††Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) 'Ing. Agr. Guillermo Cova', Bariloche, Argentina; ††††††Departamento de Zootecnia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE, Brazil; †††††††Virginia-Maryland Regional College of Veterinary Medicine, Virginia Tech, Blacksburg, VA, USA; ††††††††Universidad Nacional de Loja, Loja, Ecuador; ††††††††Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira, Colombia; †††††††††Universidad Federal de Pará, Belém, PA, Brazil; ††††††††††Universidade Tecnológica de Colômbia, La Mana, Ecuador; ††††††††††Universidad Mayor de San Simón, Cochabamba, Bolivia; †††††††††††Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac, Abancay, Peru; †††††††††††Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas, Dirección General de Investigación Científica y Tecnológica, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay; ††††††††††††Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia CITA4-PIZA-USP, Brazil

Summary

Biodiversity studies are more efficient when large numbers of breeds belonging to several countries are involved, as they allow for an in-depth analysis of the within- and between-breed components of genetic diversity. A set of 21 microsatellites was used to investigate the genetic composition of 24 Creole goat breeds (910 animals) from 10 countries to estimate levels of genetic variability, inter-population structure and understand genetic relationships among populations across the American continent. Three core investigate admixture with One number of alleles = 5.82 ± 1.1 slightly lower than what was Bayesian clustering analysis with clusters. Three groups comprised Graunze, Morono and Reputada and Angora-type goats. Substrata sample origin was considered, (threshold q = 0.700). Creole b differentiation = 0.111 ± 0.049 admixture with commercial inbreeding were detected (ind. Our results provide a broad per further studies are needed to population structure may relate.

Keywords admixture, biobio, Creole goat breeds, genetic diversity, inter-population structure, microsatellites, population structure, variability



Genetic Diversity and Structure of Iberoamerican Livestock Breeds

L. T. Gama<sup>1</sup>(✉), A. M. Martinez<sup>2</sup>, C. Ginja<sup>3</sup>, J. Cañón<sup>4</sup>, I. Martin-Burriel<sup>5</sup>, M. A. Revidatti<sup>6</sup>, M. N. Ribeiro<sup>7</sup>, J. Jordana<sup>8</sup>, O. Cortes<sup>4</sup>, N. Sevane<sup>4</sup>, V. Landi<sup>2</sup>, J. V. Delgado<sup>2</sup>, and the BIOBOVIS, BIODAPI, BIOHORSE, BIODONKEY, BIOGOAT and BIVIOVS consortia

- 1 Animal Genetic Resources Laboratory, Centre for Interdisciplinary Research in Animal Health (CISA), Faculty of Veterinary Medicine, University of Lisbon, Lisbon, Portugal
2 Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, Spain
3 Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos (CIBIO-IBIO), Universidade do Porto, Campus Agrário de Vairão, Portugal
4 Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, 28040 Madrid, Spain
5 Laboratorio de Genética Biológica, Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, Instituto Agroalimentario de Aragón IAE2, 50013 Zaragoza, Spain
6 Departamento de Producción Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste, 3400 Corrientes, Argentina
7 Departamento de Zootecnia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Dois Irmãos 51171900, Recife, PE, Brazil
8 Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 Bellaterra, Barcelona, Spain

Abstract

Creole breeds of the various livestock species mainly derive from animals imported to America from the Iberian Peninsula, starting in the early years of discovery and colonization. Creoles have undergone a long period of selective adaptation to a diverse set of environmental conditions in the Americas, and over the last two centuries some Creole populations were admixed with breeds from other European countries and from India. In spite of various threats, some Creole populations are still maintained nowadays, especially in marginal regions, but they need to be better known, in order to recognize their identity and establish conservation programs. Here, we review the results published over the last years by various Consortia established under the framework of the CONBIAND network, with the goal of studying the genetic diversity, structure and breed relationships in Creole breeds. Overall, Creole breeds reveal high levels of genetic diversity and signatures of Iberian origin, but many breeds also show signs of genetic erosion, due to inbreeding or admixture with exotic breeds. The vast majority of Creoles still maintain their own identity, and these results can be used as a basis for recognition, conservation and genetic improvement of Creoles, which result from over 500 years of selective adaptation.

See consortia membership in http://www.uco.es/conbiand/consorcios.html.

© Springer Nature Switzerland AG 2020
A. Freitas Duarte and L. Lopes da Costa (Eds.): Advances in Animal Health, Medicine and Production, pp. 52–68, 2020.
https://doi.org/10.1007/978-3-030-61981-7\_3

Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers

J. V. Delgado<sup>1</sup>, A. M. Martínez<sup>2</sup>, A. Acosta<sup>3</sup>, L. A. Álvarez<sup>3</sup>, E. Armstrong<sup>4</sup>, E. Camacho<sup>5</sup>, J. Cañón<sup>6</sup>, O. Cortes<sup>6</sup>, S. Dumet<sup>6</sup>, V. Landi<sup>7</sup>, J. R. Marques<sup>8</sup>, I. Martín-Burriel<sup>9</sup>, O. R. Martínez<sup>9,10</sup>, R. D. Martínez<sup>11</sup>, L. Melucci<sup>12,13</sup>, J. E. Muñoz<sup>14</sup>, M. C. T. Penedo<sup>14</sup>, A. Postiglioni<sup>1</sup>, J. Quiróz<sup>15</sup>, C. Rodella<sup>16</sup>, P. Sponenberg<sup>16</sup>, O. Uffo<sup>17</sup>, R. Ullao-Arzu<sup>17</sup>, J. L. Vega-Pla<sup>18</sup>, A. Villalobos<sup>19</sup>, D. Zabrano<sup>20</sup>, P. Zaragoza<sup>21</sup>, L. T. Gama<sup>21</sup> and C. Ginja<sup>14,21,22</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Campus Rabanales Edificio Gregor Mendel, 14071-Córdoba, Spain; <sup>2</sup>Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria (CENSA), San José de las Lajas, Apdo. 10, 32700-La Habana, Cuba; <sup>3</sup>Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira, Cra. 32 No 12-00, Palmira, Valle del Cauca, Colombia; <sup>4</sup>Área Genética, Departamento de Genética y Mejora Animal, Facultad de Veterinaria U de la R. Montevideo, Uruguay; <sup>5</sup>FAO Centro Alameda del Chino, Avda. Montevideo 1614, 14004-Córdoba, Spain; <sup>6</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Avda. Puerta de Hierro s/n. 28040-Madrid, Spain; <sup>7</sup>EMBRAPA Amazônia Oriental, Embrapa Amazônia Oriental, Trav. Dr. Enée Pinheiro s/n. Caixa Postal, 48 Belem, Pará, Brazil; <sup>8</sup>Laboratório de Genética Biológica, Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, Miguel Servet, 177, 20013-Zaragoza, Spain; <sup>9</sup>Universidad Federal Rural de Pernambuco, Rua Dom Manoel de Medeiros, s/n, Dois Irmãos - CEP: 51171-900-Recife/PE, Brazil; <sup>10</sup>Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológicas, Dirección General de Investigación Científica y Tecnológica, Universidad Nacional de Asunción, Km. 11 - Campus San Lorenzo, Paraguay; <sup>11</sup>Genética Animal, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora, Ruta 4 - Km. 2 - Llavallol (CP 1836), Argentina; <sup>12</sup>Facultad Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Ruta 226 Km 73,5 (7620) Bahárcara, Argentina; <sup>13</sup>Estación Experimental Agropecuaria Balcarán, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, Ruta 226 Km 73,5 (7620) Bahárcara, Argentina; <sup>14</sup>Veterinary Genetic Laboratory, University of California, One Shields Avenue, Davis, CA 95616, USA; <sup>15</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Av. Progreso 5 Col. Barrio de Santa Catarina, Copacahn, Mexico D.F., C.P. 04010, Mexico; <sup>16</sup>Virginia-Maryland Regional College of Veterinary Medicine, Virginia Tech, Duck Pond Drive, 0442, Blacksburg, VA 24061, USA; <sup>17</sup>Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Nacional Autónoma de México, Av. Universidad 3000, Ciudad Universitaria, Mexico D.F., C.P. 04510, Mexico; <sup>18</sup>Laboratorio de Investigación Aplicada, Cría Caballar de las Fuerzas Armadas, Apartado de Correos 2087, 14000-Córdoba, Spain; <sup>19</sup>Instituto de Investigación Agropecuaria, Estación Experimental El Ejido, Los Santos, Panamá; <sup>20</sup>Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Quevedo, Ecuador; <sup>21</sup>Departamento de Genética e Melhoramento Animal, Instituto Nacional dos Recursos Biológicos, Fonte Boa, 2005-048 Vale de Santarém, Portugal; <sup>22</sup>Instituto Superior de Agronomia, Tapada da Ajuda, 1349-017 Lisboa, Portugal.

Genetic diversity in all countries were assessed genetic distances, and within-breed diversity previously reported in breeds. Differences are breeds clustered separately (k value), and cluster and others that inbreeding was also others. These results diversity and that admixture in order.

Keywords admixture

Received: 25 June 2016 Accepted: 26 April 2016 Published: 07 June 2016

© 2011 The Authors. Animal

de de

de de

de de

de de

SCIENTIFIC REPORTS

OPEN

Population structure of eleven Spanish ovine breeds and detection of selective sweeps with BayeScan and hapFLK

A. Manueta<sup>1,2</sup>, T. F. Cardoso<sup>1,2,3</sup>, A. Nocer<sup>4</sup>, A. Martínez<sup>5</sup>, A. Pons<sup>6</sup>, L. A. Bermejo<sup>6</sup>, V. Landi<sup>7</sup>, A. Sánchez<sup>2,4</sup>, J. Jordana<sup>8</sup>, J. V. Delgado<sup>9</sup>, S. Adán<sup>1</sup>, J. Capote<sup>1</sup>, O. Vidal<sup>10</sup>, E. Ugarte<sup>11</sup>, J. J. Arranz<sup>12</sup>, J. H. Calvo<sup>13</sup>, J. Casellas<sup>14</sup> & M. Amills<sup>1,4</sup>

The goals of the current work were to analyse the population structure of 11 Spanish ovine breeds and to detect genomic regions that may have been targeted by selection. A total of 141 individuals were genotyped with the Infinium 50K Ovine SNP BeadChip (Illumina). We combined this dataset with Spanish ovine data previously reported by the International Sheep Genomics Consortium (IN = 229). Multidimensional scaling and Admixture analysis revealed that Canaria de Pelo and, to a lesser extent, Roja Mallorquina, Latxa and Churra are clearly differentiated populations, while the remaining seven breeds (Ojalada, Castellana, Gallega, Xisqueta, Ripollesa, Rasa Aragonesa and Segureña) share a similar genetic background. Performance of a genome scan with BayeScan and hapFLK allowed us identifying three genomic regions that are consistently detected with both methods (i.e. Oar3 (150–154 Mb), Oar6 (4–40 Mb) and Oar13 (68–74 Mb)). Neighbor-joining trees based on polymorphisms mapping to these three selective sweeps did not show a clustering of breeds according to their predominant productive specialization (except the local tree based on Oar13 SNPs). Such cryptic signatures of selection have been also found in the bovine genome, posing a considerable challenge to understand the biological consequences of artificial selection.

Since their domestication in the Fertile Crescent, sheep have been bred for producing milk, meat and wool. Artificial selection for these and other phenotypic traits probably began thousands of years ago by keeping as breeders individuals with certain external features (e.g. color, size, morphology etc.) and productive abilities (rapid growth and high fertility). The speed of this process of genetic change accelerated enormously in the last decades as a consequence of the implementation of intensive breeding schemes based on artificial insemination, extensive trait and genetical recording, and the introduction of best linear unbiased predictor approaches to estimate genetic values. Certain cosmopolitan breeds became a strongly specialized in either meat, wool or dairy production, while others, with a more local distribution, kept a more balanced production profile. Currently, in Spain there are 43 officially recognized ovine breeds that encompass 16 million individuals (the 2<sup>nd</sup> largest census of

<sup>1</sup>Departament de Animal Genètica, Center for Research in Agricultural Genomics (CSIC-IRTA-UAB-UB), Campus Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra 08193, Spain; <sup>2</sup>CAPES Foundation, Ministry of Education of Brazil, Brasília, F. Z. de C. 70.000-000, Brazil; <sup>3</sup>Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Córdoba 14071, Spain; <sup>4</sup>Unidad de Razas Autóctonas, Servei de Millora Agrària i Pesquera (SEMILLA), Son Ferriol 07198, Spain; <sup>5</sup>Departamento de Ingeniería, Producción y Economía Agrarias, Universidad de La Laguna, 38071 La Laguna, Tenerife, Spain; <sup>6</sup>Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra 08193, Spain; <sup>7</sup>Federación de Razas Autóctonas de Galicia (BOAGA), Pazo de Fontefre, 32152 Coles, Ourense, Spain; <sup>8</sup>Instituto Canario de Investigaciones Agrarias, La Laguna 38108, Tenerife, Spain; <sup>9</sup>Departamento de Biología, Universitat de Girona, Girona 17071, Spain; <sup>10</sup>Wheeler Institute, Campus Agroalimentario de Arhuatze, apdo 445 E-01080 Páez, Santa Cruz de Tenerife (Araba), Spain; <sup>11</sup>Departamento de Producción Animal, Universidad de León, León 24071, Spain; <sup>12</sup>Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón (CITA), Unidad de Tecnología en Producción Animal, Avda. Montañana, 930, 50059 Zaragoza, Spain; <sup>13</sup>These authors contributed equally to this work. Correspondence and requests for materials should be addressed to M.A. (email: manuet@uab.cat)

ORIGINAL ARTICLE Conservation priorities of Iberoamerican pig breeds and their ancestors based on microsatellite information

O Cortes<sup>1</sup>, AM Martínez<sup>2</sup>, J Cañón<sup>3</sup>, N Sevane<sup>4</sup>, LT Gama<sup>5</sup>, C Ginja<sup>6,7</sup>, V Landi<sup>2</sup>, P Zaragoza<sup>8</sup>, N Carolino<sup>9</sup>, A Vicente<sup>2</sup>, P Sponenberg<sup>10</sup> and JV Delgado<sup>11</sup> for the BioPG Consortium†

Criollo pig breeds are descendants from pigs brought to the American continent starting with Columbus second trip in 1493. Pigs currently play a key role in social economy and community cultural identity in Latin America. The aim of this study was to establish conservation priorities among a comprehensive group of Criollo pig breeds based on a set of 24 microsatellite markers and using different criteria. Spain and Portugal pig breeds, wild boar populations of different European geographic origins and commercial pig breeds were included in the analysis as potential genetic influences in the development of Criollo pig breeds. Different methods, differing in the weight given to within- and between-breed genetic variability, were used in order to estimate the contribution of each breed to global genetic diversity. As expected, the partial contribution to total heterozygosity gave high priority to Criollo pig breeds, whereas Weitzman procedures prioritized Iberian Peninsula breeds. With the combined within- and between-breed approaches, different conservation priorities were achieved. The Core Set methodologies highly prioritized Criollo pig breeds (Cr. Boliviavo, Cr. Pacifico, Cr. Cubano and Cr. Guadalupe). However, weighing the between- and within-breed components with F<sub>ST</sub> and I-F<sub>ST</sub>, respectively, resulted in higher contributions of Iberian breeds. In spite of the different conservation priorities achieved by the methodology used, other factors in addition to genetic information also need to be considered in conservation programmes, such as the economic, cultural or historical value of the breeds involved. Heredit (2016) 117: 14–24. doi:10.1038/hdy.2016.21; published online 30 March 2016

INTRODUCTION Pig breeds located in the Iberian Peninsula are mainly classified as Mediterranean and Celtic types. Mediterranean pig breeds (generally grouped in the Iberian trunk) include several breeds, sometimes divided into lineages, that display a high degree of phenotypic heterogeneity, even though they show a certain degree of genetic proximity (Gama et al., 2013). Celtic-type pigs derive from northwestern European pig breeds (Royo et al., 2007), and it is documented that Chinese germplasm was introduced in this group in the distant past (McKinnon and Pons, 2003). On the other hand, the Mediterranean-type pig is assumed to be the pre-extant type in Iberian Peninsula. Currently, Mediterranean pigs are mainly located in the southwest of the Iberian Peninsula, in a Mediterranean ecosystem traditionally known as 'Dehesa', whereas Celtic pig types have been raised in the Peninsula's northern part. The second trip (1493) of Columbus took horses, cattle, sheep, goats and pigs from the Iberian Peninsula to America for the first time. The first pigs were taken to Cuba and subsequent arrivals to the American continent followed their widespread expansion throughout Latin America under a wide range of environmental conditions, thus giving rise to the populations currently known as Criollo pigs. Currently, 17% of the world's pigs are

<sup>1</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Madrid, Spain; <sup>2</sup>Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Córdoba, Spain; <sup>3</sup>CITA, Facultade de Medicina Veterinaria, Universidade de Lugo, Lugo, Spain; <sup>4</sup>Centro de Estudos, Estación de Aproximación Antropológica, Faculdade de Ciências, Universidade de Lisboa, Lisboa, Portugal; <sup>5</sup>CIBIO-IBIO - Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos, Universidade do Porto, Campus Agrário de Vairão, Portugal; <sup>6</sup>Departamento de Genética Biológica, Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, Zaragoza, Spain; <sup>7</sup>Instituto Nacional de Investigación Agraria y Veterinaria (INIA), Unidad Estadística de Investigación e Servizo de Biotecnoloxía e Recursos Genéticos Pilo de Investigación de Fonta Boa, Vale de Santarém, Portugal; <sup>8</sup>Estación Superior Agraria, Instituto Politécnico de Santarém, Vale de Santarém, Portugal and <sup>9</sup>Regional College of Veterinary Medicine, Virginia Tech, Blacksburg, VA, USA; <sup>10</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid, Madrid 28040, Spain; <sup>11</sup>Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia CITA4-PIZA-USP, Brazil

Bovis  
Ovis  
Goat  
Horse  
Donkey  
Pig  
Cuy  
Chicken  
Favos  
Census  
Trasiber  
Gastriber

49 INVESTIGADORES,  
39 INSTITUCIONES

114 RAZAS,  
40 CRIOLLAS,

SCIENTIFIC  
REPORTS

natureresearch

OPEN

# The genetic ancestry of American Creole cattle inferred from uniparental and autosomal genetic markers

Received: 20 February 2019

Accepted: 16 July 2019

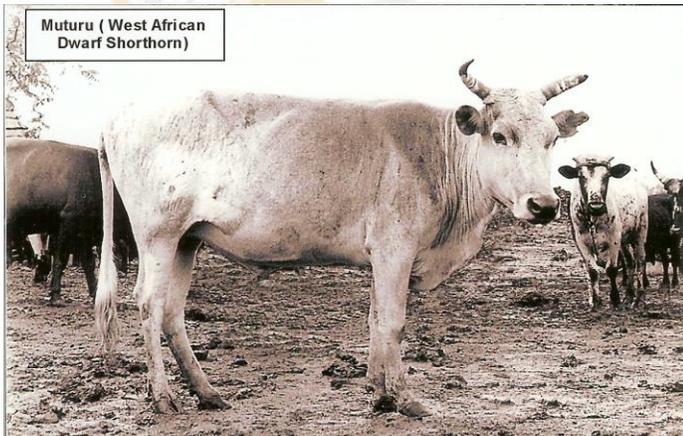
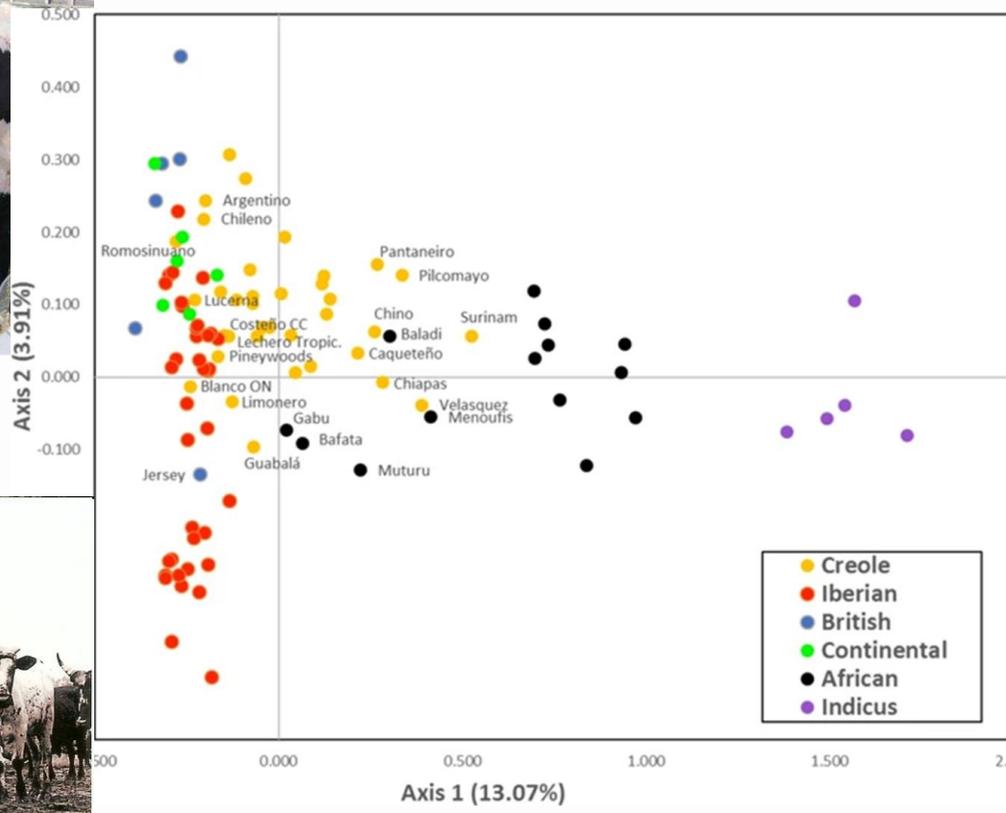
Published online: 07 August 2019

Catarina Ginja<sup>1</sup>, Luis Telo Gama<sup>2</sup>, Oscar Cortés<sup>3</sup>, Inmaculada Martin Burriel<sup>4</sup>, Jose Luis Vega-Pla<sup>5</sup>, Cecilia Penedo<sup>6</sup>, Phil Sponenberg<sup>7</sup>, Javier Cañón<sup>3</sup>, Arianne Sanz<sup>4</sup>, Andrea Alves do Egito<sup>8</sup>, Luz Angela Alvarez<sup>9</sup>, Guillermo Giovambattista<sup>10</sup>, Saif Agha<sup>11</sup>, Andrés Rogberg-Muñoz<sup>12</sup>, Maria Aparecida Cassiano Lara<sup>13</sup>, BioBovis Consortium\*, Juan Vicente Delgado<sup>14</sup> & Amparo Martinez<sup>14,15</sup>

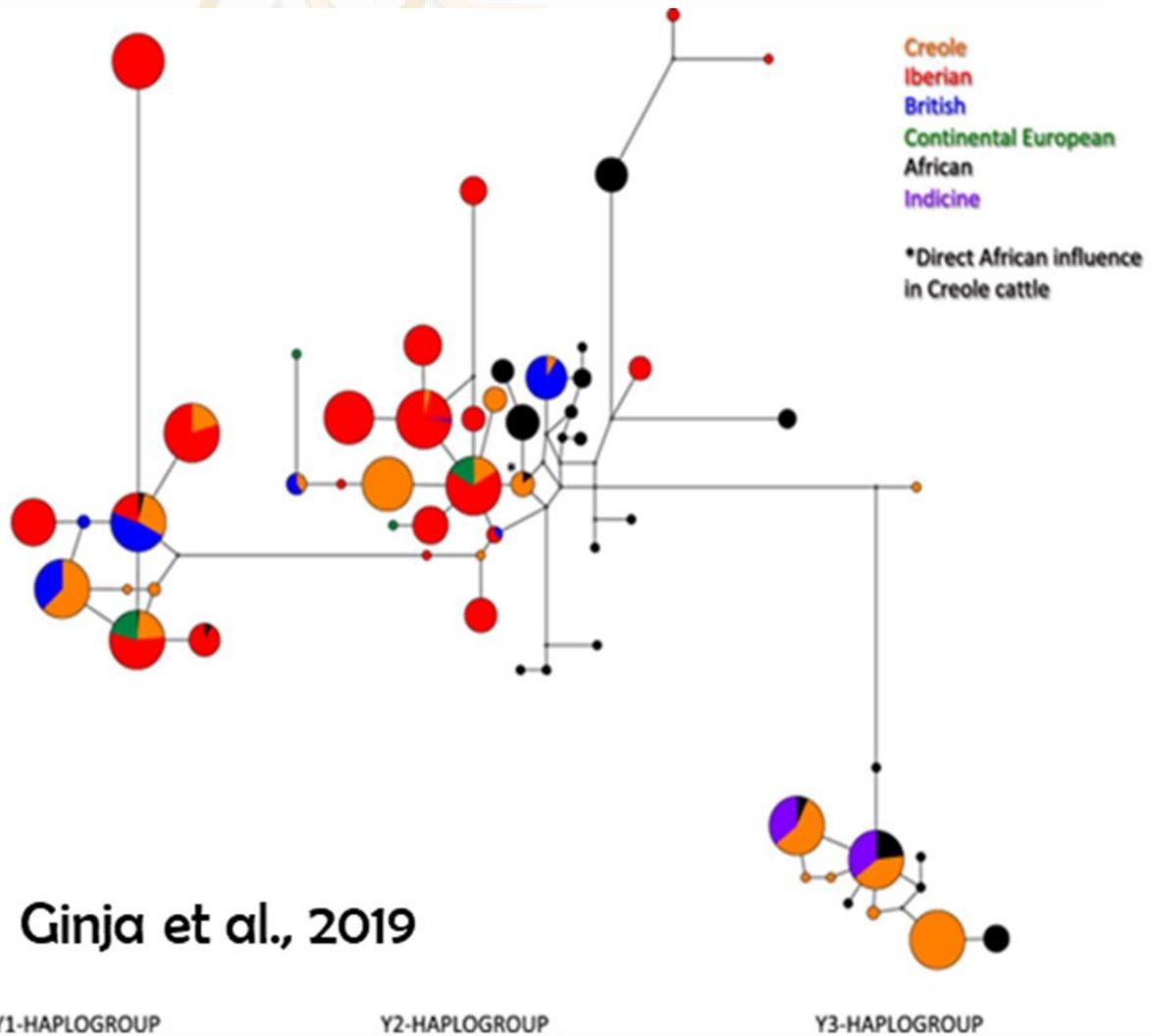
Cattle imported from the Iberian Peninsula spread throughout America in the early years of discovery and colonization to originate Creole breeds, which adapted to a wide diversity of environments and later received influences from other origins, including zebu cattle in more recent years. We analyzed uniparental genetic markers and autosomal microsatellites in DNA samples from 114 cattle breeds distributed worldwide, including 40 Creole breeds representing the whole American continent, and samples from the Iberian Peninsula, British islands, Continental Europe, Africa and American zebu. We show that Creole breeds differ considerably from each other, and most have their own identity or group with others from neighboring regions. Results with mtDNA indicate that T1c-lineages are rare in Iberia but common in Africa and are well represented in Creoles from Brazil and Colombia, lending support to a direct African influence on Creoles. This is reinforced by the sharing of a unique Y-haplotype between cattle from Mozambique and Creoles from Argentina. Autosomal microsatellites indicate that Creoles occupy an intermediate position between African and European breeds, and some Creoles show a clear Iberian signature. Our results confirm the mixed ancestry of American Creole cattle and the role that African cattle have played in their development.

7 de agosto 2019

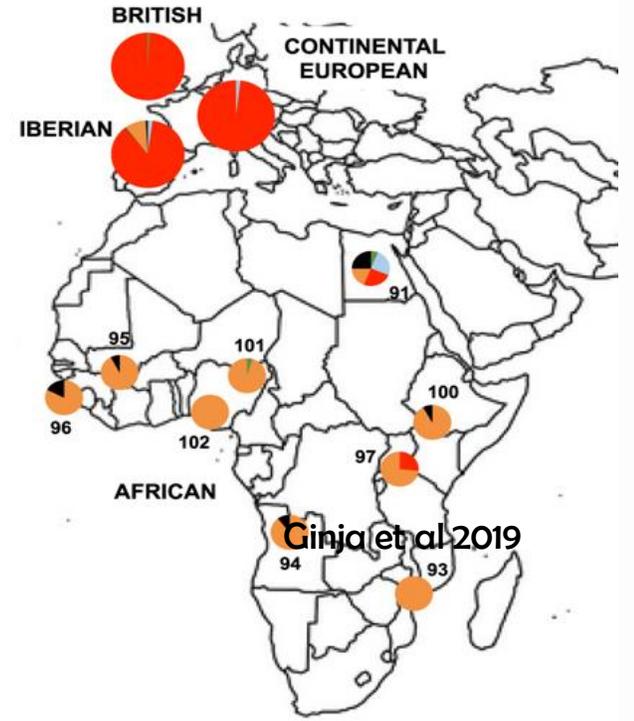
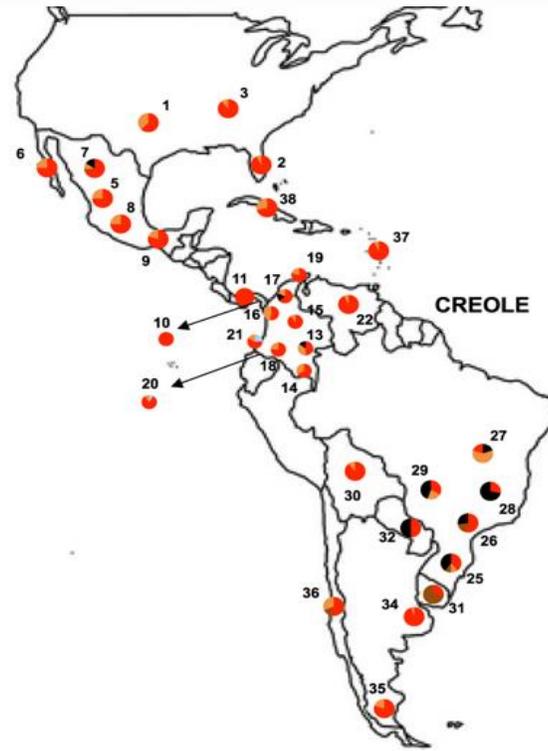
# Microsatélites



# CROMOSOMAY



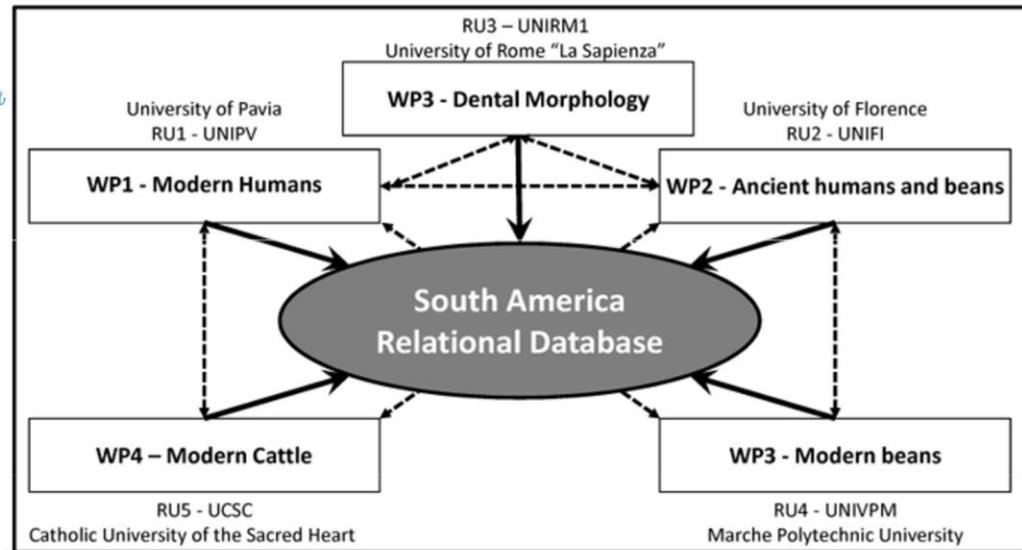
Ginja et al., 2019



T2 T3 T1 T1C Q

ON de la BIODIVERSIDAD  
ADN MITOCONDRIAL  
DOMESTICOS LOCALES

# ¿Y LA GENÓMICA?



**Figure 9.** A scheme of research responsibilities- workflow and interactions

Before starting with the analyses, the raw data will be cleaned and mapped on the respective reference genomes. Data integration and sharing:

50K SNP



European  
Commission

Horizon 2020  
European Union funding  
for Research & Innovation

## IMAGE

Innovative Management of Animal  
Genetic Resources

10K SNP

Grant Agreement Number: 677353

Horizon 2020 FRAMEWORK PROGRAMME

TOPIC: MANAGEMENT AND SUSTAINABLE USE OF GENETIC RESOURCES

Topic identifier: SFS-07b-2015

Type of Action: Research and Innovation Action (RIA)

DELIVERABLE D4.5

Deliverable title: A standard multi-species chip for genomic assessment of collections.

**Cuadro 1. Frecuencias Alélicas de Variantes Polimórficas de Genes Asociados a Variables Ambientales de las Razas Guaymí y Guabalá en Panamá.**

MARCADOR	Locus	Alelo	GUA	GUY	MARCADOR	Locus	Alelo	GUA	GUY
<b>MED12L</b>	rs41580133	C	0.167	0.605	<b>TSNARE1</b>	rs109875744	C	0.933	0.500
		T	0.833	0.395			T	0.067	0.500
<b>HSF2BP</b>	rs42432959	A	0.000	0.237	<b>PREX2</b>	rs109169231	A	0.067	0.158
		G	1.000	0.763			G	0.933	0.842
		A	0.000	0.132			<b>RALYL</b>	rs29010281	C
G	1.000	0.868	T	0.600	0.026				
<b>ADGRL2</b>	rs42482471	A	1.000	0.921		rs110857876	A	0.800	0.500
		G	0.000	0.079			G	0.200	0.500
<b>SPAG17</b>	rs41624677	A	0.500	0.447		rs110400380	A	0.200	0.263
		G	0.500	0.553			G	0.800	0.737
<b>LEF1</b>	rs41621541	G	0.900	0.632		rs110942324	A	0.500	0.025
		T	0.100	0.368			C	0.500	0.975
<b>CTNNA2</b>	rs41565994	G	0.933	0.289	<b>SMYD3</b>	rs41799745	A	0.467	0.000
		T	0.067	0.711			G	0.533	1.000
	rs211690801	A	0.600	0.579		rs41799830	A	0.633	0.632
		G	0.400	0.421			G	0.367	0.368
		G	1.000	0.737			rs41799658	C	0.533
T	0.000	0.263	T	0.467	0.000				
	rs110528191	C	0.000	0.026		rs41797772	A	0.633	0.053
		T	1.000	0.974			G	0.367	0.947
	rs41668252	C	1.000	0.763		rs42383968	A	0.533	0.421
		T	0.000	0.237			G	0.467	0.579
	rs41663399	A	0.033	0.053	<b>LAMC1</b>	rs29013977	A	0.400	0.289
		G	0.967	0.947			G	0.600	0.711
	rs41663416	C	0.800	0.842	<b>KCNH1</b>	rs41829951	G	1.000	0.947
		T	0.200	0.158			T	0.000	0.053
	rs41584429	G	0.800	0.474	<b>SUZ12</b>	rs29019767	A	0.467	0.368
		T	0.200	0.526			G	0.533	0.632
<b>HSPH1</b>	rs109165924	A	0.100	0.789	<b>ZKSCAN7</b>	rs42001169	A	0.567	0.579
		G	0.900	0.211			G	0.433	0.421
<b>FAM107B</b>	rs29017684	C	0.867	0.816	<b>NRG1</b>	rs42127055	A	1.000	0.553
		T	0.133	0.184			G	0.000	0.447

**Loci Polimórficos Guaymí fueron similares a ganado bovino de Etiopía (83.4%) Edea et al. (2012) Menor al del ganado Hanwoo de Korea (94%).**

**Monorfismo observado en el marcador del gen PRLR (C) 20:39,136,666**



Frecuencias alélicas de variantes polimórficas de genes de caseínas de razas Guaymí y Guabalá (Genoma de referencia UMD 3.1.1)

Gen/Alelos	RefSeq	Guabalá		Guaymí	
		Frecuencia alélica		Frecuencia alélica	
<b>CSN1S1</b>	rs133474041	0.800(G)	0.200 (A)	0.684 (G)	0.316 (A)
<b>CSN2</b>	rs109299401	1.000(T)	0.000 (G)	0.789 (T)	0.211(G)
<b>CSN2</b>	rs43703011*	1.000(C)	0.000(A)	0.842 (C)	0.158 (A)
<b>CSN1S2</b>	rs441966828	1.000(C)	0.000(T)	0.842 (C)	0.158 (T)
<b>CSN3</b>	rs450402006	0.733 (C)	0.267 (T)	0.658 (C)	0.342 (T)
<b>CSN3</b>	rs43703015	0.433 (T)	0.567 (C)	0.500 (T)	0.500 (C)
<b>CSN3</b>	rs43703016	0.429 (C)	0.571(A)	0.500(C)	0.500 (A)
<b>CSN3</b>	rs439304887	1.000(A)	0.000(G)	0.842 (A)	0.158 (G)
<b>CSN3</b>	rs110014544	0.433 (G)	0.567 (A)	0.528 (G)	0.472 (A)

Media de Número efectivo de alelos (Ne), Índice de Shannon (I), Heterocigosis observada (Ho) y Heterocigosis esperada (He) de razas Guaymí y Guabalá para los alelos asociados a calidad de carne.

Gen	Variante	Ne	Guabalá			Guaymí			
			I	Ho	He	Ne	I	Ho	He
CAST	rs109804679	1.557	0.543	0.467	0.370	1.362	0.436	0.316	0.273
CAST	rs109677393	1.991	0.691	0.533	0.515	1.870	0.658	0.526	0.478
CAST	rs109354718	1.991	0.691	0.533	0.515	1.994	0.692	0.632	0.512
CAPN3	rs109425380	1.991	0.691	0.400	0.515	1.362	0.436	0.316	0.273
CAPN13	rs108960548	1.724	0.611	0.600	0.434	1.819	0.642	0.368	0.462
CAPN5	rs41772701	1.301	0.393	0.267	0.239	1.699	0.602	0.474	0.422
CAPN8	rs109316815	1.000	0.000	0.000	0.000	1.498	0.515	0.316	0.341
CAPN1	rs17872000	1.000	0.000	0.000	0.000	1.978	0.688	0.474	0.508
CAPN1	rs17871058	1.867	0.657	0.467	0.480	1.870	0.658	0.421	0.478
CAPN1	rs17872050	1.000	0.000	0.000	0.000	1.819	0.642	0.474	0.462





PROGRAMA  
IBEROAMERICANO

# CYTED

CIENCIA Y TECNOLOGÍA PARA EL DESARROLLO

# ANID

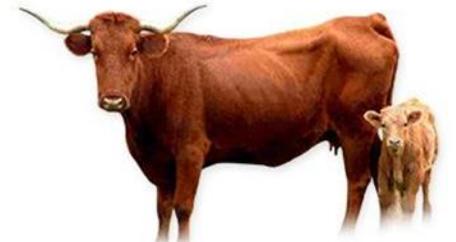
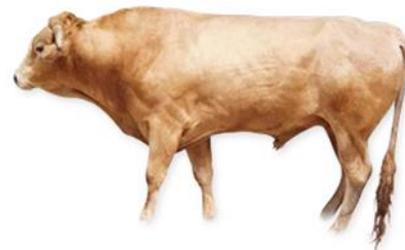


C  
de l



# REZGEN-IBA

RED IBEROAMERICANA SOBRE LOS RECURSOS ZOOGENÓMICOS Y SU RESILIENCIA



RESERVA DE BIODIVERSIDAD  
de los ANIMALES DOMESTICOS LOCALES

# Pero aún tenemos poblaciones por trabajar



ACION de  
LES DOM

# REFLEXIÓN FINAL (**Atender**)

- **Tenemos un desafío sobre la situación de los RZ en la Región Mesoamericana.**
- **Se requiere mayor voluntad de las autoridades nacionales para cumplir con el ODS 2.5.2 y en general con el PAM**
- **Se requiere fortalecer y apoyar la figura del punto focal nacional (Estabilidad, apoyo institucional, etc.)**

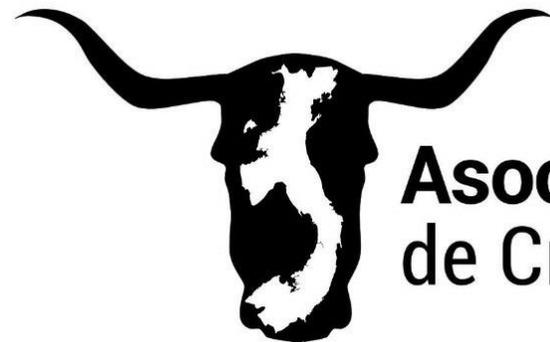
# REFLEXIÓN FINAL (Lo positivo)

- Existen instituciones que aportan evidencia científica y apoyan los programas de conservación y utilizar nuestros RZ
- Tenemos herramientas que permiten su estimación y la posibilidad tomar acciones al respecto
- Existen productores que tienen interés en trabajar con nuestros RZ

6 DE SEPTIEMBRE DE 2021



Se crea por primera vez la  
Asociación de Criadores  
de Criollos de Panamá



**Asociación de Criadores  
de Criollos de Panamá**

# 6 de Septiembre de 2023



*Asamblea Nacional*

*Secretaría General*

**TRÁMITE LEGISLATIVO  
2021-2022**

ANTEPROYECTO DE LEY: **172**

PROYECTO DE LEY:

LEY:

GACETA OFICIAL:

TÍTULO:

QUE DECLARA A LAS RAZAS BOVINAS CRIOLLAS DE LA REPUBLICA DE PANAMA COMO PARTE DE SU PATRIMONIO GENETICO, CULTURAL E HISTORICO NACIONAL, Y SE DICTAN OTRAS DISPOSICIONES.

FECHA DE PRESENTACIÓN: **25 DE OCTUBRE DE 2021.**

PROPONENTE: **H.H.D.D. ANA ROSAS Y EVERARDO CONCEPCION.**

COMISIÓN: **ASUNTOS AGROPECUARIOS.**



WIND

CONSERVACION de la BIODIVERSIDAD

**“No nos atrevemos a muchas cosas porque son difíciles,  
pero son difíciles porque no nos atrevemos a hacerlas”.**

***Lucio Anneo Séneca***

