

# GMA

## GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL

## ANIMAL GENETICS AND BREEDING

## GMA 1

**ESTUDIO DE POLIMORFISMOS Y ANÁLISIS POBLACIONAL EN GENES IMPLICADOS EN ATRIBUTOS DE CALIDAD DE CARNE EN CERDOS HÍBRIDOS DEL NORESTE ENTRERRIANO**

Rodríguez V.R., M.E. Barrantdeguy, M.V. García, M. Lagadari.  
Facultad de Ciencias de la Alimentación, UNER, Entre Ríos,  
Argentina. E-mail: viviana.rodriguez@uner.edu.ar

La producción y el consumo de carne de cerdo presenta crecimiento a nivel mundial. Debido a la exigencia de los mercados, este trabajo busca implementar la biología molecular como herramienta de selección en cerdos híbridos para una mejora en la calidad de carne. Se realizó una búsqueda de relaciones entre marcadores genéticos y atributos en RYR11843C>T, RN200R>Q/199I>V, CAST638S>A, CAST76872G>A, SOX6A42812066G>A y SOX6B43023574G>C, para orientar en programas de cruzamiento. En 122 parentales del noreste de Entre Ríos se realizó PCR-RFLP y se calculó la diversidad genética y estructura poblacional. Además de PCR-RFLP, sobre 73 muestras de carne (*Longissimus thoracis*) se evaluó pH, color con Minolta CM-700 y CIELAB, marmoleado por comparación de patrones, resistencia al corte con Stable Micro Systems TAXT2i y celda Warner-Bratzler, humedad por desecación 4 h a 125° C, capacidad de retención de agua (CRA) mediante mermas por descongelación, goteo y cocción. Los SNPs y su relación con los parámetros analizados presentaron diferencias significativas ( $p < 0,05$ ) permitiendo inferir el mercado destino para estas carnes. Portadores de alelos  $rn^*$  para RN(199I–200R), C para CAST638S>A, A para SOX6A42812066G>A y C para SOX6B43023574G>C presentarían genotipos beneficiosos evidenciando mayor marmoleado, pH, CRA y color óptimo. Se observó elevada variabilidad y riqueza alélica ( $H_E=0,455$ ,  $H_o=0,56$ ,  $R_A=2,17$ ,  $N_A=2,17$ ,  $FIS=-0,24$ ) indicando que estos polimorfismos aún no han estado sujetos a selección y pueden utilizarse para obtener genotipos superiores mediante selección asistida por marcadores.

## GMA 2

**ESTIMACIÓN DE LA INFLUENCIA GENÉTICA EN MEDIDAS HIPOMÉTRICAS DEL CABALLO PERUANO DE PASO**

Karlau A., A. Molina, A.G. Antonini, P. Trigo, S. Demyda Peyrás.  
Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: akarlau@fcv.unlp.edu.ar

El Caballo Peruano de Paso se destaca debido a su andar, resistencia para realizar labores de campo y belleza exterior. Los ejemplares deben cumplir con características morfológicas para combinar funcionalidad con belleza. Si bien la Asociación Nacional de Criadores y Propietarios del Caballo Peruano de Paso (ANCPCPP) controla la morfología de los animales, no existe hasta la fecha una evaluación genética de dichos caracteres. El objetivo del presente trabajo fue modelar y estimar la influencia genética en medidas hipométricas de interés en la raza Caballo Peruano de Paso. Se analizaron fenotipos de seis caracteres: Altura a la cruz (AC), Altura a la grupa (AG); Ancho de pecho (AP), Perímetro torácico (PT) y Largo del cuerpo (LC) de 1.525 ejemplares recolectados por la ANCPCPP entre 1998 y 2019. Se estimaron los valores de cría de cada carácter para cada individuo y su heredabilidad mediante un modelo animal univariado basado en REML (metodologías de máxima verosimilitud), que incluyó tamaño del haras, pelaje, sexo y edad como efectos fijos y los efectos residuales, rebaño-año y animal como aleatorios, utilizando información de pedigrí disponible y el software AIREMLF90 (BLUPF90). Los valores genéticos variaron desde  $-6,53 \pm 0,95$  a  $6,59 \pm 3,05$  cm AC,  $-6,24 \pm 0,94$  a  $5,6 \pm 3$  cm AG,  $-1,02 \pm 0,65$  a  $1,8 \pm 1,11$  cm AP,  $-4,45 \pm 1,33$  a  $5,93 \pm 2,95$  cm LC y  $-12,15 \pm 1,65$  a  $7,65 \pm 3,97$  cm PT. Los valores de  $h^2$  fueron  $0,63 \pm 0,04$  AC,  $0,62 \pm 0,04$  AG,  $0,08 \pm 0,03$  AP,  $0,22 \pm 0,05$  LC y  $0,27 \pm 0,05$  PT. Este estudio es la primera modelización genética en base a medidas hipométricas del Caballo Peruano de Paso y demuestra la existencia de variabilidad sobre la cual establecer un programa de mejora para la raza.

## GMA 3

### CUANTIFICACIÓN DEL GRADO DE QUIMERISMO HEMATOPOYÉTICO DEL PAR SEXUAL EN CABALLOS MEDIANTE GENOTIPADO MASIVO TIPO SNP-ARRAY

Pirosanto Y.<sup>1,2</sup>, E. Teran<sup>1,2</sup>, S. Demyda Peyras<sup>2,3</sup>. IGEVET (UNLP-CONICET La Plata), Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP, La Plata, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, La Plata, Argentina; <sup>3</sup>CONICET, CCT La Plata, La Plata, Argentina. E-mail: pirosanto.yamila@igevet.gob.ar

La presencia de anomalías cromosómicas del par sexual es frecuente en caballos. Dentro de ellas, el quimerismo hematopoyético es una de las más difíciles de detectar ya que los individuos afectados presentan un fenotipo normal en la adultez. En el presente trabajo empleamos una técnica de Análisis de Distribución por Ajuste de Probabilidades Integradas (DANFIP), para detectar y cuantificar el quimerismo hematopoyético del par sexual en caballos. Para ello se seleccionaron siete individuos Pura Raza Español (dos hermanos mellizos posibles quimeras y cinco normales) mediante el SNP-array GGP™ equine (Illumina) de mediana densidad (~70000 SNPs). El análisis bioinformático incluyó la determinación de los valores de BAF (*b allele frequency*) de cada uno de los marcadores e individuos, los cuales fueron analizados mediante el paquete DANFIP. Solo se tuvieron en cuenta valores de BAF que oscilaron entre 0,2 y 0,8, evitando el análisis de marcadores homocigotos. Los resultados del uso de DANFIP demostraron que el nivel de quimerismo en la hembra fue del 36%, mientras que en el macho de 51%. Estos valores concuerdan con lo obtenido en ambos animales mediante cariotipado clásico. Como conclusión, el método DANFIP permite determinar el porcentaje de quimerismo existente en un individuo en base a un simple análisis de ADN. El uso de esta herramienta genómica es una alternativa adicional para detectar la presencia de quimerismo en equinos.

## GMA 4

### ¿QUÉ SE SABE SOBRE LA RESISTENCIA NATURAL DE LOS BOVINOS A *Neospora caninum* Dubey, Carpenter, Speer, Topper & Uggla, 1988?

Dinon M.A., P. Corva. Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina. E-mail: anabella005@yahoo.com.ar

*Neospora caninum*, un parásito del phylum Apicomplexa, es la principal causa de abortos en bovinos, generando graves pérdidas económicas. Aún no existen vacunas efectivas y el control se basa principalmente en prácticas de manejo, por lo que la resistencia genética del hospedante podría ser un factor de control. El objetivo fue hacer una búsqueda sistemática de información sobre variabilidad intra- e inter-racial mediante minería de textos en Pubmed combinando los paquetes bibliometrix y pubmed.mineR del software R. Se realizaron búsquedas combinando palabras clave y luego se refinó manualmente la lista final. Entre 1.415 artículos referidos a neosporosis en bovinos, se identificaron 47 artículos de interés de 219 autores en 19 países, entre 2002-2022. España es el país con mayor número (10), seguida por 18 países con uno a cuatro artículos. Sólo tres artículos consideran la variabilidad intra-racial (heredabilidad, GWAS, genes candidatos) mientras que los relacionados a variabilidad inter-racial comparan mayoritariamente serología de razas puras o cruza. El desempeño relativo entre razas no es concluyente. Se evidencia una mayor susceptibilidad de razas lecheras respecto de las carniceras. El experimento más frecuente fue sobre el uso de razas carniceras (destacándose Limousin y otras razas continentales) sobre hembras Holstein, para reducir la tasa de abortos. Este análisis permite resumir el conocimiento actual de la variabilidad genética en respuesta a la neosporosis, a la vez que contribuye a identificar áreas de vacancia y alternativas de investigación más promisorias.

## GMA 5

## DETECCIÓN DE LA MUTACIÓN c.55delG DEL GEN *CHRNA1* CAUSAL DE ARTROGRIPOSIS MÚLTIPLE CONGÉNITA EN BOVINOS MEDIANTE PCR-SECUENCIACIÓN DIRECTA

Crespi J.A., M.E. Zappa, E.E. Villegas Castagnasso, P. Peral García, M.E. Fernández, G. Giovambattista. IGEVET (FCV-UNLP-CONICET), Buenos Aires, Argentina. E-mail: jacrespi@gmail.com

La Artrogriposis Múltiple Congénita (AMC) es una condición genética con herencia autosómica letal recesiva que ha sido reportada en varias razas bovinas. En las razas nórdicas es causada por una deleción en el primer exón del gen *CHRNA1* (cholinergic receptor nicotinic beta 1 subunit; c.55delG). Esta mutación introduce un codón de *stop* prematuro (p.Ala19Profs47\*) y por lo tanto una proteína truncada en un 96% no funcional. La deleción ha sido detectada en animales descendientes de un único reproductor. El objetivo del presente trabajo consistió en genotipificar la deleción c.55delG causante de la AMC en bovinos, con el fin de determinar si esta mutación ha sido introducida en una población local por el uso de un reproductor perteneciente a una línea genética portadora de esta condición genética. El ADN de 14 bovinos de la raza Sueca Roja fue extraído a partir de muestras de sangre. Un fragmento de 247 pb del primer exón del gen *CHRNA1* que incluye la mutación causal fue amplificado por PCR, y secuenciado en un secuenciador capilar. Los resultados obtenidos permitieron detectar seis animales portadores. El análisis de pedigrí confirmó la segregación de la mutación en la población analizada. El presente estudio provee otro ejemplo de cómo el uso mediante inseminación artificial de un toro de élite puede diseminar rápidamente una condición genética que causa importantes pérdidas económicas en la población. Por otra parte, el diagnóstico genético permitió la identificación de los animales portadores y la programación de los cruzamientos con el fin de erradicar la mutación causal.

## GMA 6

## FACTORES GENÉTICOS Y AMBIENTALES RELACIONADOS CON EL RENDIMIENTO DE OVOCITOS ASPIRADOS EN HEMBRAS BRANGUS

Legaz G.<sup>1</sup>, N.M. Bello<sup>2</sup>, P.M. Corva<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Sociedad Rural Argentina, CABA, Argentina; <sup>2</sup>Department of Animal Sciences, The Ohio State University, Columbus, Ohio Statistics, Kansas State University, Manhattan, Kansas, USA; <sup>3</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Provincia Buenos Aires, Argentina. E-mail: glegaz@sra.org.ar.

Se evaluó la producción de ovocitos a través de OPU (*Ovum Pick Up*) en hembras Brangus de dos cabañas de Formosa (Argentina) como indicador indirecto de aptitud reproductiva y factores de riesgo relacionados. Los datos consistieron en 1.154 registros de 239 donantes en 64 sesiones de OPU. Los análisis estadísticos se realizaron con un modelo lineal mixto generalizado asumiendo una distribución Poisson que incluyó efectos fijos de estación del año, tratamiento previo de super-ovulación/transferencia de embriones (MOET), visibilidad de la luna e interacciones de dos y tres vías, así como las covariables edad y proporción racial (Angus/Brahman, estimada con un panel de 17 STR, aplicando el programa Structure). El modelo también ajustó efectos aleatorios de hembra y sesión, y un parámetro de sobredispersión. La composición racial media estimada fue 1/3 Brahman - 2/3 Angus. El rendimiento por hembra-sesión fue elevado respecto a razas europeas (media = 28 ovocitos; rango: 2 - 155 ovocitos). La asociación entre rendimiento y composición racial no fue significativa ( $p=0,32$ ). El rendimiento de OPU fue significativamente mayor en otoño y primavera para hembras sin MOET previa ( $p=0,04$ ). La edad mostró asociación cuadrática con rendimiento, con disminución a partir de los 8-9 años. Para hembras previamente sometidas a MOET se detectó una asociación significativa ( $p=0,015$ ) entre visibilidad de la luna y rendimiento. En conclusión, los resultados sugieren nuevos factores a tener en cuenta para optimizar la obtención de ovocitos y caracterizar rendimiento reproductivo en hembras Brangus de Argentina.

**GMA 7****HETEROGENEIDAD DE LA VARIANZA RESIDUAL EN LA ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS DE LA PRODUCCIÓN DE LECHE EN HOLANDO ARGENTINO**

Vera M.<sup>1</sup>, N. Rubio<sup>2</sup>, A. Pardo<sup>3</sup>, E. Rodríguez<sup>2</sup>, M.E. Tejedo<sup>2</sup>, P. Corva<sup>3</sup>, D. Casanova<sup>2,4</sup>. <sup>1</sup>EEA Rafaela - INTA, Santa Fe, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Veterinaria, UNICEN, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Unidad Integrada Balcarce, INTA/UNMDP, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>Asociación de Criadores de Holando Argentino, Argentina. E-mail: vera.milba@inta.gob.ar

Los modelos de estimación de componentes de varianza asumen su homogeneidad. Sin embargo, las varianzas y la heredabilidad pueden variar, asociadas a los niveles de producción. El objetivo fue verificar la heterogeneidad de la varianza residual debida a grupos contemporáneos (GC: rodeo-año-estación de parto) en la estimación de componentes genéticos de producción de leche en Argentina. Se utilizaron 576.790 lactancias corregidas a 305 días de 364.663 vacas (control lechero oficial de la Asociación de Criadores de Holando Argentino, ACHA). Se estimaron medias y varianzas fenotípicas de producción (kg) de leche (L), grasa (G) y proteína (P) de cada GC. Utilizando análisis de agrupamiento jerárquico (PAM: *Partitioning Around Medoids*) sobre medias y varianzas de los GC, la mayoría de los métodos sugirieron que la reducción de las diferencias entre ellos se estabilizaría con 13 grupos. Se estimaron la varianza genética (A), de ambiente permanente (PE) y residual (R) de L, ajustando un modelo animal Bayesiano univariado (programa GIBBS3F90). El modelo consideró rodeo (1.644 niveles), año (24 niveles), estación (2 niveles) lactancia y edad al parto (24 niveles) como efectos fijos y, como aleatorios, el animal (genealogía de 7.818 padres y 304.985 madres), ambiente permanente y el efecto residual. Las varianzas estimadas A y PE fueron  $0,23E+06$  y  $0,20E+06$  respectivamente; los valores de variación R se asociaron positivamente a las medias y desvíos estándares de L. La heterogeneidad de la varianza puede afectar la exactitud de la estimación de los valores de cría, favoreciendo la selección en GC con mayor varianza, por lo que conviene considerar la redefinición de los GC.

**GMA 8****LOCI DE CARACTERES CUANTITATIVOS PARA RASGOS REPRODUCTIVOS EN BOVINOS LECHEROS LOCALES**

Raschia M.A.<sup>1</sup>, D.O. Maizon<sup>2</sup>, A.F. Amadio<sup>3</sup>, M.A. Poli<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Instituto de Genética, CICVyA, INTA, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>EEA Anguil - INTA, La Pampa, Argentina; <sup>3</sup>EEA Rafaela - INTA, Santa Fe, Argentina; CONICET, Argentina. E-mail: raschia.maria@inta.gob.ar

La intensa selección para producción lechera junto con una consideración insuficiente de parámetros de fertilidad y salud va en detrimento de estos últimos rasgos. Por ello, muchos países ampliaron los objetivos de sus programas de cría de ganado lechero, desde un enfoque meramente productivo hacia uno integral que considera además aspectos reproductivos y sanitarios. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue caracterizar rodeos lecheros locales en función de caracteres reproductivos e identificar las regiones genómicas que influyen sobre los mismos. A partir de registros de servicios y partos de 24.195 vacas Holando y Holando x Jersey, se calcularon: edad al primer parto, edad a la primera concepción, intervalo entre partos, intervalo parto-primer servicio, intervalo parto-concepción e intervalo primer servicio-concepción. Mediante el programa BLUPf90 se realizó la estimación de componentes de varianza, heredabilidades y un análisis de asociación de genoma completo con modelos lineales mixtos y de repetibilidad, según el carácter, y genotipos de 999 animales, obtenidos con el chip BovineSNP50 v2 de Illumina. Se obtuvieron heredabilidades de entre 2,1 y 7,7%, en concordancia con valores de literatura, y 92 ventanas de SNPs explicaron más de 10 veces la varianza genética aditiva esperada, por lo que se consideran regiones relevantes para los rasgos estudiados. Estas regiones justifican su estudio en mayor profundidad, en el intento de dilucidar su influencia en la determinación de rasgos reproductivos de bovinos lecheros de Argentina.

## GMA 9

## DESEQUILIBRIO DE LIGAMIENTO EN LA RAZA BRANGUS ARGENTINA

Pardo A.M.<sup>1,2</sup>, N.S. Forneris<sup>3,4</sup>, D.O. Maizon<sup>5</sup>, S. Munilla<sup>3,4</sup>. I.E.E.A. Balcarce – INTA, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina; <sup>3</sup>Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires, Argentina; <sup>4</sup>INPA, CONICET – Facultad de Ciencias Veterinarias, UBA, Buenos Aires, Argentina; <sup>5</sup>INTA E.E.A. Anguil – INTA, La Pampa, Argentina. E-mail: pardo.alan@inta.gob.ar

El desequilibrio de ligamiento (LD), definido como la asociación no aleatoria de alelos entre loci, es un parámetro crucial para estudios de estructura poblacional, mapeo de QTL e implementación de estudios de asociación de genoma completo y selección genómica. Se caracterizó la magnitud del LD entre marcadores (SNP) en 2.841 animales (1.058 toros y 1.783 vacas) de la población argentina de la raza Brangus utilizando el cuadrado de la correlación entre alelos en pares de loci ( $r^2$ ) como estimador. Un total de 41.290 SNP fueron obtenidos después de fusionar los diferentes paneles existentes en la base de datos y filtrar por *call rate* (<95%) y alelos monomórficos. Se obtuvieron los haplotipos en fase separadamente para cada uno de los 29 autosomas y se computaron los  $r^2$  para todos los pares de SNP posibles, utilizando los *softwares* SHAPEIT y R, respectivamente. Las distancias medias entre marcadores en cada cromosoma oscilaron entre 14,18 y 54,03 Mb. El LD promedio  $\pm$  SD a través de todos los autosomas para el intervalo de hasta 1 Mb y total fueron  $0,09 \pm 0,14$  y  $0,01 \pm 0,03$ , respectivamente. Los valores más altos de LD se observaron para los pares de SNP ubicados a distancias menores de 0,1 Mb con  $r^2$  promedios de  $0,21 \pm 0,25$  ( $n = 78.177$  pares de marcadores, de los cuales el 25% tuvieron  $r^2 \geq 0,30$ ). Los valores de  $r^2$  del presente estudio fueron similares a aquellos reportados para la misma raza en la literatura internacional. Este es el primer análisis detallado de LD para Brangus en Argentina y será de utilidad tanto para el programa de selección genómica como para la caracterización de su estructura poblacional.

## GMA 10

## ANÁLISIS DE TRANSCRIPTOMA DE PIEL EN BOVINOS BRANGUS EN RESPUESTA AL ESTRÉS

Álvarez P.A., M. Bonamy, M. Balbi, L.H. Olivera, A. Rogberg Muñoz, G. Giovambattista, M.E. Fernández. IGEVET (FCV-UNLP-CONICET), Buenos Aires, Argentina. E-mail: pecunarg@gmail.com

El estrés térmico es un factor importante en la producción ganadera, ya que afecta la salud, la productividad y la *performance* reproductiva de los animales. Esto constituye una problemática especial en los ambientes subtropicales, donde por ese mismo motivo se crían bovinos de razas cebuinas y compuestas. Entre la variedad de respuestas de los bovinos a las condiciones de estrés térmico, la piel cumple un rol central, siendo la primera barrera en dar respuesta a las altas temperaturas. El objetivo de este trabajo fue analizar el efecto del estrés térmico en los perfiles de expresión génica de la piel de bovinos Brangus criados en el noreste argentino. Se midió la temperatura rectal de 108 animales durante el verano y, utilizando este carácter como criterio de muestreo, se seleccionaron 12 animales de los extremos de la distribución, que conformaron los grupos estresados ( $n=6$ ) y no estresados ( $n=6$ ). De cada animal se tomó una biopsia de piel de la región dorsal. Las muestras se conservaron en RNAlater y posteriormente se secuenciaron mediante RNAseq. Los resultados obtenidos del análisis de transcriptómica mostraron que 4.495 genes se diferenciaron significativamente ( $p$  ajustado < 0,01) entre los grupos. El análisis de rutas metabólicas mediante la base de datos KEGG reveló un término significativo denominado *thermogenesis* ( $p = 1,4E-20$ ), en tanto que el análisis de ontología génica mostró diversos procesos biológicos, componentes celulares y funciones moleculares que junto a un análisis funcional de genes individuales podrían contribuir a comprender los mecanismos de respuesta del tejido al calor.

## GMA 11

## ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS $F_{IT}$ , $F_{ST}$ Y $F_{IS}$ EN CUATRO POBLACIONES CAPRINAS DE LA ZONA DE INFLUENCIA DE LA UNLP MEDIANTE EL USO DE MICROSATÉLITES

Cattaneo A.C.<sup>1,2</sup>, P. Peral García<sup>2</sup>, A.G. Antonini<sup>1,2</sup>. <sup>1</sup>Cátedra de Genética de Poblaciones y Mejoramiento Animal, Facultad de Cs Veterinarias, UNLP, Buenos Aires, Argentina; <sup>2</sup>Instituto de Genética Veterinaria "Ing. Fernando Noel Dulout", IGEVET, CONICET-FCV-UNLP, Buenos Aires, Argentina. E-mail: cattaneo.ac@gmail.com

Sewall Wright propuso tres parámetros para medir desviaciones de frecuencias genotípicas en poblaciones. El  $F_{IT}$  mide la desviación de las Heterocigosidades Observadas (HO) en la población total con respecto a las Esperadas (HE) en el equilibrio de Hardy Weinberg (HW). El  $F_{IS}$  es la desviación de las HO en las subpoblaciones respecto a las HE para HW. El  $F_{ST}$  indica el grado de diferenciación genética entre subpoblaciones. En la estimación de  $F_{IS}$  y  $F_{IT}$ , los valores positivos indican una deficiencia de heterocigotos y los negativos un exceso. El objetivo del estudio fue determinar estos parámetros en cuatro poblaciones caprinas. Se extrajo sangre de 140 cabras, de cuatro establecimientos (Arana, Lobos, La Plata y Uribelarrea). Se obtuvo ADN y se determinaron las variantes alélicas de 14 microsatélites recomendados por la ISAG (*International Society of Animal Genetics*) para la filiación en cabra. Los coeficientes se calcularon con el Programa Genepop. La media de  $F_{IS}$  fue de 0,063, presentando valor negativo en un marcador. Nueve de los marcadores presentaron un valor de  $F_{IS}$  mayor a 0,05. El  $F_{ST}$  indicó que el 95% de la variabilidad genética en las subpoblaciones estudiadas se debía a diferencias entre los individuos dentro de la subpoblación y el 5% a diferencias entre subpoblaciones ( $p < 0,05$ ). Los valores de  $F_{ST}$  indicaron que la variación genética se mantuvo en las subpoblaciones. Los resultados obtenidos para  $F_{IS}$  y  $F_{IT}$  indicaron que existe consanguinidad. Este fenómeno se explica por la forma de producción caprina, con pocos machos respecto de las hembras y reposición propia o de la zona, favoreciendo así, el apareamiento entre parientes.