

UN ANÁLISIS CERCANO DE HAPLOTIPOS UNIPARENTALES EN LAS RAZAS GUAYMÍ Y GUABALÁ DE PANAMÁ¹

Axel Villalobos-Cortés²; Hilda Castillo³; Selma Franco-Schafer⁴

RESUMEN

El análisis del ADN mitocondrial (mtADN) se ha consolidado como una herramienta central en la investigación en genética molecular, especialmente en estudios de diversidad e historia poblacional en animales. Gracias a su alto polimorfismo y al gran número de copias por célula, permite obtener datos con rapidez, incluso a partir de material antiguo. Por otra parte, el análisis de haplogrupos del cromosoma Y ha aportado nuevas perspectivas sobre la diversidad genética bovina desde el punto de vista paterno. El objetivo de este estudio fue identificar haplotipos mitocondriales y del cromosoma Y en las razas criollas Guaymí y Guabalá de Panamá. Se analizó un fragmento de la región hipervariable D-loop del mtADN y siete marcadores del cromosoma Y. Los resultados permitieron describir la presencia de marcadores uniparentales en ambas razas. Se concluye que la ascendencia materna de las razas procede del tronco Ibérico, especialmente del sur de España, y de forma indirecta del tronco africano. La raza Guabalá muestra una firma genética paterna no observada hasta ahora en otras razas.

Palabras clave: Bioinformática, biotecnología, conservación, ganadería, marcadores moleculares.

¹Recepción: 19 de marzo de 2025. Aceptación: 09 de mayo de 2025. Trabajo derivado de Segunda fase del proyecto: mtDNA & Cromosoma Y, Biobovis Consortium y Red Conbiand; Proyecto estudios genómicos de los recursos zoogenéticos y su interacción con efectos bióticos y abióticos.

²IDIAP, Laboratorio de Análisis y Biología Molecular Aplicada (LABMA), Ciudad del Saber. Ph.D. Conservación y Mejora Animal. e-mail: villalobos.axel@gmail.com; ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0003-4223-0560>

³Universidad Tecnológica. M.Sc. Fitomejoramiento - Estudiante de Doctorado, e-mail: hilda.castillo@utp.ac.pa; ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0002-7663-1875>

⁴IDIAP, Divisa-Panamá. Laboratorio de Salud Animal. M.Sc. en Epidemiología Veterinaria. e-mail: pkfranco91@gmail.com; ORCID iD: <https://orcid.org/0000-0003-1526-2938>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

A CLOSER ANALYSIS OF THE UNIPARENTAL HAPLOTYPES IN THE GUAYMI AND GUABALA RACES OF PANAMA

ABSTRACT

Mitochondrial DNA (mtDNA) analysis has established itself as a key tool in molecular genetics research, particularly in investigations of population diversity and evolutionary history in animals. Owing to its high polymorphism and the abundance of copies per cell, mtDNA enables efficient data retrieval, even from degraded or ancient samples. In parallel, the study of Y chromosome haplogroups has provided complementary insights into bovine genetic diversity from a paternal perspective. The aim of this study was to characterize mitochondrial and Y chromosome haplotypes in the Guaymí and Guabalá creole cattle breeds of Panama. A fragment of the hypervariable D-loop region of mtDNA and seven Y chromosome markers were analyzed. The findings allowed for the identification of uniparental markers in both breeds. Results indicate that the maternal lineage of these breeds traces back to the Iberian trunk, particularly southern Spain, with possible indirect influence from African lineages. Notably, the Guabalá breed exhibits a paternal genetic signature not previously reported in other cattle breeds.

Keywords: Bioinformatics, biotechnology, conservancy, livestock, molecular markers.

INTRODUCCIÓN

Los bovinos criollos americanos (*Bos taurus*) procedentes de los viajes desde España y Portugal, descienden directamente del Aurochs salvaje (*Bos primigenius*), domesticado durante la revolución agrícola en el periodo neolítico (Rouse, 1977; Beja-Pereira et al., 2006). Datos arqueológicos sugieren que este proceso de domesticación fue muy complejo y de origen múltiple con introgresión de genes (por lo menos en algunas regiones) de razas locales y africanas, introducidas por vía marítima, generando una importante variabilidad genética, particularmente en las razas del sur de Europa (Beja-Pereira et al., 2006).

Se ha evidenciado el legado genético del ganado ibérico al igual que otras influencias como africana a la composición genética de los bovinos criollos en el continente



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

americano. Ya sea de manera directa a través de las razas portuguesas y españolas, o por influencia indirecta de razas como la Gabú y Bafata de Guinea-Bissau la Muturú de Nigeria y las razas egipcias Baladi y Menoufis, con lo cual ofrece un mejor marco de referencia y un mejor entendimiento de las migraciones e introgresión de genes hacia el nuevo mundo (Ginja et al., 2019).

El análisis del ADN mitocondrial (mtADN) es una técnica que se ha instaurado como eje central de la investigación en genética molecular, particularmente de la diversidad e historia de poblaciones de animales (Groeneveld et al., 2010). Los Haplotipos mitocondriales como el T1, T1a, T2 y T3 han sido reportados en ganado criollo como el Criollo de Chihuahua, Pampa Chaqueño y Texas Longhorn, siendo el T1a asociado a las razas africanas (Ginja et al., 2009; Lenstra et al., 2014; Ginja et al., 2019). Debido a su alto polimorfismo, los datos se pueden obtener rápidamente, además, el alto número de copias incrementa la probabilidad de recobrar ADN de material antiguo.

La interpretación de los datos de mtADN se ve facilitado por la transmisión materna y sin los efectos de la recombinación, creando un agrupamiento jerárquico directo (Lenstra et al., 2012). Por otro lado, el análisis de haplogrupos del cromosoma Y, ha permitido revelar otras perspectivas sobre la diversidad genética, de las razas bovinas en el mundo desde el punto de vista paterno (Li et al., 2007; Ginja et al., 2009; Edwards et al., 2011). El cromosoma Y es indicador sensitivo de eventos poblacionales de reciente data, como cuellos de botella, efectos fundacionales y dispersión de la población (Edwards et al., 2011).

El estudio de polimorfismos en el fragmento no recombinante del cromosoma Y representa una vía sencilla y expedita de revelar y ponderar la mezcla entre razas y detectar migraciones mediadas por el macho, repasar la historia paterna y rastrear líneas o familias de fundadores individuales (Casanova et al., 1985; Malaspina et al., 1990). En resumen, mientras que las diversas variantes del mtADN se mantienen dentro del ható, las del cromosoma Y dan información sobre el origen de los machos sobre la base de introgresión de genes y el mejoramiento genético (MacHugh et al., 1997; Bradley et al.,



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

1998). El objetivo de este trabajo fue reportar algunos haplotipos mitocondriales y cromosoma Y en razas criollas Guaymí y Guabalá en Panamá.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se tomaron muestras de pelo del área de la cola de 47 ejemplares criollos, 24 de la raza Guabalá (GUA) y 23 de la raza Guaymí (GUY), procurando seleccionar dentro de lo posible, animales no emparentados. El ADN genómico fue aislado siguiendo procedimientos de extracción laboratoriales de rutina. Para el estudio del ADN mitocondrial (mtADN), se analizó el fragmento de la región D-loop hipervariable (secuencia de referencia con número de acceso al NCBI V00654, entre las bases 8-169 y 16,050-16,302) según Ginja et al. (2019). Las condiciones de amplificación y secuenciación se realizaron como se describe en Ginja et al. (2010). Los productos se separaron en un analizador de ADN capilar y las secuencias se analizaron mediante una aplicación bioinformática.

El análisis del haplotipo del cromosoma Y se realizó utilizando una combinación de siete marcadores específicos, un polimorfismo de inserción/delección, indel (ZFY10), un marcador de nucleótido simple, SNP (UTY19) y cinco microsatélites, STR (DDX3Y1, BM861, INRA189, UMN0103 y UMN0307). Las condiciones de genotipado fueron las descritas por Ginja et al. (2009) y Pelayo et al. (2017). Se estimaron los parámetros de diversidad genética para ambas razas utilizando ADN mitocondrial y cromosoma Y. Se identificaron los haplotipos, se determinó la frecuencia de cada uno y se calculó la diversidad haplotípica (H). El número total de haplotipos de mtADN y la diversidad de haplotipos de mtADN se estimaron para una región D-loop de 700 pb con GENALEX v6.053.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El haplotipo identificado en ambas razas fue el T3. La media general de diversidad medida como diversidad de haplotipos (H) y el número total de haplotipos de las razas Guaymí y Guabalá, estimada mediante la región D-Loop fue 0,714 con un total de 11 haplotipos. Este valor fue mayor en el ganado Guaymí (H = 0,808; No. Haplotipos = 8), y menor en la raza Guabalá (H = 0,620; No. Haplotipos = 3).



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Los valores de diversidad H y el número de haplotipos observados en la raza Guaymí (Cuadro 1) son mayores que los observados por Ginja et al. (2019) en algunas razas criollas de América como la Caracú brasileña y Limonero de Venezuela y algunas razas africanas como la Ankole-Watusi. En razas de la India como Hariana y Gaolao también fueron reportadas con menores valores de diversidad y número de haplotipos (Sharma et al., 2015).

Cuadro 1. Diversidad del haplotipo T3 de mtADN en las razas Guaymí y Guabalá.

Raza	T3	Total de Haplotipos	Diversidad de Haplotipos (H)
Guabalá	10	3	0,620
Guaymí	15	8	0,808

Por otro lado, se reportan mayores valores de diversidad en razas como la Blanco Orejinegro de Colombia, la Texas Longhorn de Estados Unidos, y las Gabú y Bafata de Guinea-Bissau (Ginja et al., 2019). En el caso de la raza Guabalá, los valores de H son mayores a los observados en el Criollo Patagónico argentino y menores a los del Senepol (Ginja et al., 2019). De los haplogrupos presentes en las razas de bovinos reportadas por Di Lorenzo et al. (2016) 100% fue T3, tanto en la raza Guaymí como en la Guabalá, haplogrupo considerado como una firma genética ancestral de las razas ibéricas en el ganado criollo americano (Ginja et al., 2010).

Se han observado menores proporciones de este haplogrupo en otras poblaciones de ganado criollo, tales como el Criollo Argentino, Criollo de Chiapas, Pampa Chaqueño, Caracú, Baja California, que oscilan entre 50% y 95% (Ginja et al., 2010; Lenstra et al., 2014). Sin detectar el haplogrupo T1 en las razas Guaymí y Guabalá, relacionado a eventos de domesticación de las razas africanas y que también se ha atribuido su influencia en la formación de razas ibéricas (Bonfiglio et al., 2012); el haplogrupo T1 si se ha observado en otras razas criollas de América como Pampa chaqueño, Criollo de Baja California, Texas Longhorn entre otras (Ginja et al., 2010; Lenstra et al., 2014; Di Lorenzo et al., 2016). Aunque no se observó este haplogrupo en las razas panameñas, se manifiesta la influencia de las razas africanas de manera indirecta por la ascendencia ibérica, como la reportada



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

por Ginja et al. (2019), donde muestra esta relación, mediante el análisis de correspondencias con microsátélites por parte de las razas africanas, Gabú, Bafatá, Baladí, Muturú y Menoufis con las razas panameñas, particularmente en la Guabalá.

En cuanto a la diversidad haplotípica paterna, la media general fue de ($H = 0,359$; No. Haplotipos = 4). La raza Guabalá presentó los mayores valores de diversidad ($H = 0,500$; No. Haplotipos = 2), siendo estos menores a los reportados en razas como Criollo Yacumeño de Bolivia, Blanco Orejinegro de Colombia y Criollo Ecuatoriano, pero mayores que el Criollo Santandereano de Colombia y Criollo Caracú Brasileño. Los valores de diversidad de criollo Guaymí fueron ($H = 0,219$; No. Haplotipos = 2), siendo mayor a los reportados en raza sintética Senepol, pero menor a la mayoría de las razas criollas estudiadas en América (Ginja et al., 2010; Ginja et al., 2019). Los niveles bajos de diversidad genética en el cromosoma Y se deben probablemente a los esquemas de reproducción en la que se han seleccionado y utilizado pocos machos con la producción de una gran cantidad de descendencia (Hellborg & Ellegren, 2004; Di Lorenzo et al., 2016).

La proporción haplotípica del cromosoma Y en las razas Guaymí y Guabalá se muestran en la Figura 1. Sin identificar el haplotipo Y1, que es predominante en las razas del norte de Europa y del norte de España; este tiene una baja frecuencia en los toros del sudoeste asiático y es portado por descendientes machos de importaciones europeas (Edwards et al., 2011).

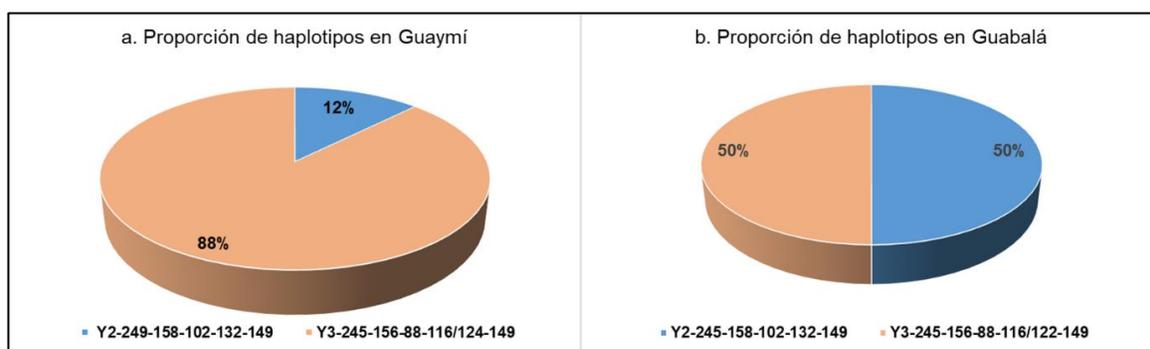


Figura 1. Proporciones de haplotipos de cromosoma Y, en las razas Guaymí y Guabalá.



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

En la raza Guaymí, el haplotipo H3Y3 (Y3-245-156-88-116/124-149) fue el más frecuente, con un 88% de los individuos, mientras que el H23Y2 (Y2-249-158-102-132-149) tuvo una menor representación. En la raza Guabalá, ambos haplotipos, H13Y2 y H2Y3, se encontraron en igual proporción. Una particularidad que resalta en siete toros Guabalá dentro del estudio es que provienen de un linaje (Y2-245-158-102-132-149) que no se observa en ninguna otra raza hasta el momento (Ginja et al., 2019). El haplogrupo Y2 es común en Europa Central y del Sur, con una zona de transición bien definida en Europa Central (Edwards et al., 2011; Lancioni et al., 2016). El haplogrupo Y3 se ha identificado en algunas razas de Etiopía, China y América del Sur (Di Lorenzo et al., 2016) y también en razas africanas, India y el sureste asiático (Edwards et al., 2011; Ginja et al., 2019; Ganguly et al., 2020).

Es evidente que el haplotipo Y2 presente en los criollos panameños tengan un aporte relevante de las razas Ibéricas desde su llegada al istmo centroamericano a principios del siglo XVI (Archivo General de Indias, 1521). En cuanto al haplogrupo Y3, es muy probable que los toros criollos Guaymí y Guabalá tengan el aporte de las razas africanas por vía indirecta de las razas europeas (Edwards et al., 2011; Lancioni et al., 2016; Ginja et al., 2019).

Es poco probable que las poblaciones criollas panameñas hayan tenido influencia directa de razas cebuinas, como así lo señalan estudios realizados por diversos autores donde se evaluó la proporción de mezcla y distancias genéticas entre razas con marcadores microsatélites (Villalobos et al., 2010; Delgado et al., 2011; Martínez et al., 2012); sin embargo, Ganguly et al. (2020) reportan el haplotipo H3Y3 en 20 ejemplares de la raza Khillar en las regiones de Mahastra y Karnataka de la India, presente en la raza Guaymí y el H2Y3 reportado en 5 ejemplares de la raza Dangi en las regiones de Guyarat y Mahastra de la India, presente en la raza Guabalá (Ginja et al., 2019; Gangouly et al., 2020). La raza Khillar es una de las poblaciones más diversificadas de la India, esta tiende a ser una raza tradicional que lleva linajes de cromosoma Y distintos con el alelo típico de BM861 de 158 pb, características del ganado taurino. Por otro lado, la Dangi, que se origina en una región cercana a la Khillar presenta este mismo alelo y que al estar presente en *Bos taurus* como señala Ganguly et al. (2020), podría ser un caso de homoplasia (Estoup



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

et al., 2002). Ambas razas, nativas de la India, se encuentran en las proximidades de los centros de domesticación del *Bos indicus*, que luego por las migraciones de pastores hacia el este de Asia, el suroeste de Asia, Europa y los países africanos entre 4000 y 1300 años antes del presente, los llevó a una mezcla entre las poblaciones de cebú y taurinas (Magee et al., 2014).

CONCLUSIONES

- Mediante la colaboración internacional, con el uso de marcadores uniparentales, para la detección de haplotipos ancestrales en poblaciones de ganado bovino panameño. Se establece que la ascendencia materna de ambas razas proviene del tronco Ibérico, particularmente del sur de España y probablemente de forma indirecta del tronco africano.
- La raza Guabalá posee una firma genética paterna que no ha sido observada en otras razas hasta el momento. Las razas criollas de ganado bovino deben ser estudiadas y caracterizadas con mayor profundidad a nivel de genoma y promover su integración en programas de conservación y mejoramiento genético.

REFERENCIAS

Archivo General De Indias. (1521). Envío de ganados de Jamaica a Panamá.

http://pares.mcu.es/ParesBusquedas/servlets/Control_servlet?accion=3&txt_id_de_sc_ud=376072&fromagenda=N

Beja-Pereira, A., Caramelli, D., Lalueza-Fox, C., Vernesi, C., Ferrand, N., Casoli, A., Goyache, F., Royo, L. J., Conti, S., Lari, M., Martini, A., Ouragh, L., Magid, A., Atash, A., Zsolnai, A., Boscato, P., Triantaphylidis, C., Ploumi, K., Sineo, L., Mallegni, F., Taberlet, P., Erhardts, G., Sampietrot, L., Bertranpetit, B., Barbujani, G., Luikar, G., & Bertorelle, G. (2006). The origin of European cattle: evidence from modern and ancient DNA. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 103(21), 8113–8118. <https://doi.org/10.1073/pnas.0509210103>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Bonfiglio, S., Ginja, C., De Gaetano, A., Achilli, A., Olivieri, A., Colli, L., Tesfaye, K., Agha, S. H., Gama, L. T., Cattonaro, F., Penedo, M. C., Ajmone-Marsan, P., Torroni, A., & Ferretti, L. (2012). Origin and spread of *Bos taurus*: new clues from mitochondrial genomes belonging to haplogroup T1. *PloS One*, 7(6), e38601. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0038601>

Bradley, D. G., Loftus, R. T., Cunningham, P., & Machugh, D. E. (1998). Genetics and domestic cattle origins. *Evolutionary Anthropology*, 6(3), 79-86. [https://doi.org/10.1002/\(SICI\)1520-6505\(1998\)6:3%3C79::AID-EVAN2%3E3.0.CO;2-R](https://doi.org/10.1002/(SICI)1520-6505(1998)6:3%3C79::AID-EVAN2%3E3.0.CO;2-R)

Casanova, M., Leroy, P., Boucekkine, C., Weissenbach, J., Bishop, C., Fellous, M., Purrello, M., Fiori, G., & Siniscalco, M. (1985). A human Y-linked DNA polymorphism and its potential for estimating genetic and evolutionary distance. *Science*, 230, 1403-1406. <http://dx.doi.org/10.1126/science.2999986>

Delgado, J. V., Martínez, A. M., Acosta, A., Álvarez, L. A., Armstrong, E., Camacho, E., Canon, J., Cortes, O., Dunner, S., Landi, V., Marques, J. R., Martín-Burriel, I., Martínez, O. R., Martínez, R. D., Melucci, L., Muñoz, J. E., Penedo, M. C., Postiglioni, A., Quiróz, J., Rodellar, C., Sponenberg, P., Uffo, O., Ulloa-Arvizu, R., Vega-Pla, J. L., Villalobos, A., Zambrano, D., Zaragoza, P., Gama, L. T., & Ginja, C. (2011). Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers. *Animal Genetics*, 43, 2-10. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02207.x>

Di Lorenzo, P., Lancioni, H., Ceccobelli, S., Curcio, L., Panella, F., & Lasagna, E. (2016). Uniparental genetic systems: A male and a female perspective in the domestic cattle origin and evolution. *Electronic Journal of Biotechnology*, 23, 69-78. <https://doi.org/10.1016/j.ejbt.2016.07.001>

Edwards, C. J., Ginja, C., Kantanen, J., Pérez-Pardal, L., Tresset, A., Stock, F., European Cattle Genetic Diversity Consortium, Gama, L. T., Penedo, M. C., Bradley, D. G., Lenstra, J. A., & Nijman, I. J. (2011). Dual origins of dairy cattle farming-evidence



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

from a comprehensive survey of European Y-chromosomal variation. *PloS One*, 6(1), e15922. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0015922>

Estoup, A., Jarne, P., & Cornuet, J. M. (2002). Homoplasmy and mutation model at microsatellite loci and their consequences for population genetics analysis. *Molecular ecology*, 11(9), 1591-1604. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2002.01576.x>

Ganguly, I., Jeevan, C., Singh, S., Dixit, S. P., Sodhi, M., Ranjan, A., Kumar, S., & Sharma, A. (2020). Y-chromosome genetic diversity of *Bos indicus* cattle in close proximity to the centre of domestication. *Sci Rep*, 10, 9992. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-66133-3>

Ginja, C., Telo da Gama, L., & Penedo, M. C. (2009). Y chromosome haplotype analysis in Portuguese cattle breeds using SNPs and STRs. *The Journal of heredity*, 100(2), 148–157. <https://doi.org/10.1093/jhered/esn080>

Ginja, C., Penedo, M. C., Melucci, L., Quiroz, J., Martínez López, O. R., Revidatti, M. A., Martínez-Martínez, A., Delgado, J. V., & Gama, L. T. (2010). Origins and genetic diversity of New World Creole cattle: inferences from mitochondrial and Y chromosome polymorphisms. *Animal genetics*, 41(2), 128-141. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2009.01976.x>

Ginja, C., Gama, L. T., Cortés, O., Burriel, I. M., Vega-Pla, J. L., Penedo, C., Sponenberg, P., Cañón, J., Sanz, A., do Egito, A. A., Alvarez, L. A., Giovambattista, G., Agha, S., Rogberg-Muñoz, A., Lara, M., BioBovis Consortium, Delgado, J. V., & Martínez, A. (2019). The genetic ancestry of American Creole cattle inferred from uniparental and autosomal genetic markers. *Scientific reports*, 9(1), 11486. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-47636-0>

Groeneveld, L. F., Lenstra, J. A., Eding, H., Toro, M. A., Scherf, B., Pilling, D., Negrini, R., Finlay, E. K., Jianlin, H., Groeneveld, E., Weigend, S., & GLOBALDIV



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

Consortium. (2010). Genetic diversity in farm animals--a review. *Animal genetics*, 41 Suppl 1, 6–31. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2010.02038.x>

Hellborg, L., & Ellegren, H. (2004). Low levels of nucleotide diversity in mammalian Y chromosomes. *Molecular biology and evolution*, 21(1), 158-163. <https://doi.org/10.1093/molbev/msh008>

Lancioni, H., Di Lorenzo, P., Cardinali, I., Ceccobelli, S., Capodiferro, M. R., Fichera, A., Grugni, V., Semino, O., Ferretti, L., Gruppetta, A., Attard, G., Achilli, A., & Lasagna, E. (2016). Survey of uniparental genetic markers in the Maltese cattle breed reveals a significant founder effect but does not indicate local domestication. *Animal Genetics*, 47(2), 267-269. <http://dx.doi.org/10.1111/age.12408>

Lenstra, J. A., Groeneveld, L. F., Eding, H., Kantanen, J., Williams, J. L., Taberlet, P., Nicolazzi, E. L., Sölkner, J., Simianer, H., Ciani, E., Garcia, J. F., Bruford, M. W., Ajmone-Marsan, P., & Weigend, S. (2012). Molecular tools and analytical approaches for the characterization of farm animal genetic diversity. *Animal genetics*, 43(5), 483-502. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2011.02309.x>

Lenstra, J. A., Ajmone-Marsan, P., Beja-Pereira, A., Bollongino, R., Bradley, D. G., Colli, L., De Gaetano, A., Edwards, C. J., Felius, M., Ferretti, L., Ginja, C., Hristov, P., Kantanen, J., Lirón, J. P., Magee, D. A., Negrini, R., & Radoslavov, G. A. (2014). Meta-Analysis of Mitochondrial DNA Reveals Several Population Bottlenecks during Worldwide Migrations of Cattle. *Diversity*, 6(1), 178-187. <https://doi.org/10.3390/d6010178>

Li, M. H., Zerabruk, M., Vangen, O., Olsaker, I., & Kantanen, J. (2007). Reduced genetic structure of north Ethiopian cattle revealed by Y-chromosome analysis. *Heredity*, 98, 214–221. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800931>

MacHugh, D. E., Shriver, M. D., Loftus, R. T., Cunningham, P., & Bradley, D. G. (1997). Microsatellite DNA variation and the evolution, domestication and phylogeography



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

of taurine and zebu cattle (*Bos taurus* and *Bos indicus*). *Genetics*, 146(3), 1071–1086. <https://www.genetics.org/content/146/3/1071.long>

Magee, D. A., MacHugh, D. E., & Edwards, C. J. (2014). Interrogation of modern and ancient genomes reveals the complex domestic history of cattle. *Animal Frontiers*, 4(3), 7-22. <https://doi.org/10.2527/af.2014-0017>

Malaspina, P., Persichetti, F., Novelletto, A., Iodice, C., Terranato, L., Wolfe, J., Ferraro, M., & Prantera, G. (1990). The human Y chromosome shows a low level of DNA polymorphism. *Annals of Human Genetics*, 54(4), 297-305. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1469-1809.1990.tb00385.x>

Martínez, A. M., Gama, L. T., Cañón, J., Ginja, C., Delgado, J. V., Dunner, S., Landi, V., Martín-Burriel, I., Penedo, M. C., Rodellar, C., Vega-Pla, J. L., Acosta, A., Alvarez, L. A., Camacho, E., Cortés, O., Marques, J. R., Martínez, R., Martínez, R. D., Melucci, L., Martínez-Velázquez, G., Muñoz, J., Postiglioni, A., Quiroz, J., Sponenberg, P., Uffo, O., Villalobos, A., Zambrano, D., & Zaragoza, P. (2012). Genetic footprints of Iberian cattle in America 500 years after the arrival of Columbus. *PloS One*, 7(11), e49066. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0049066>

Pelayo, R., Penedo, M., Valera, M., Molina, A., Millon, L., Ginja, C., & Royo, L. J. (2017). Identification of a new Y chromosome haplogroup in Spanish native cattle. *Animal genetics*, 48(4), 450–454. <https://doi.org/10.1111/age.12549>

Rouse, J. E. (1977). *The Criollo: Spanish Cattle in the Americas*. NORMAN, University of Oklahoma Press, USA. <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/19770130870>

Sharma, R., Kishore, A., Mukesh, M., Ahlawat, S., Maitra, A., Pandey, A. K., & Tantia, M. S. (2015). Genetic diversity and relationship of Indian cattle inferred from microsatellite and mitochondrial DNA markers. *BMC genetics*, 16, 73. <https://doi.org/10.1186/s12863-015-0221-0>



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)

<https://bmcgenomdata.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12863-015-0221-0#:~:text=Conclusions,conservation%20of%20indicine%20cattle%20diversity>.

Villalobos-Cortés, A. I., Martínez, A. M., Escobar, C., Vega-Pla, J. L., & Delgado, J. V. (2010). Study of genetic diversity of the Guaymi and Guabala bovine populations by means of microsatellites. *Livestock Science* 131, 45-51.

<https://doi.org/10.1016/j.livsci.2010.02.024>

AGRADECIMIENTO

Este trabajo emana del proyecto financiado por LISBOA-01-0145-FEDER-016647 con el apoyo de Animal Breeding Consulting S.L., Córdoba, España. Parcialmente financiado por Universidad de California, Davis, VELOGEN S.L., Madrid, España y por el Grupo Referencia LAGENBIO del Gobierno de Aragón; Auspiciado por Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá (IDIAP), la Secretaría Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación (SENACYT), al igual que al Sistema Nacional de Investigación (SNI).



Este trabajo está licenciado bajo una [licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial-ShareAlike 4.0 International](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/)