

Los recursos zoogenéticos bovinos y las características de resistencia/adaptación a enfermedades infecciosas

Bovine animal genetic resources and resistance/adaptation characteristics to infectious diseases

Morales Crispín Luis Moisés, Velázquez-Silvestre María Gisela, Castillo Capitán Guadalupe, Domínguez Cartas Víctor Manuel

Facultad de Ingeniería en Sistemas de Producción Agropecuaria, Universidad Veracruzana; Carretera Costera del Golfo km 220, Col. Agrícola Michapan. C.P. 96100, Acayucan, Veracruz, México.

NOTA SOBRE LOS AUTORES

Luis Moisés Morales Crispín: luismorales03@uv.mx  <https://orcid.org/0000-0002-9660-8365>

Guadalupe Castillo Capitán: gcastillo@uv.mx  <https://orcid.org/0000-0001-9430-6585>

María Gisela Velázquez Silvestre: givelazquez@uv.mx  <https://orcid.org/0000-0003-3636-5768>

Víctor Manuel Domínguez Cartas: victodominguez@uv.mx  <https://orcid.org/0009-0000-0896-7919>

Esta investigación fue financiada con recursos de los autores.

Los autores no tienen ningún conflicto de interés al haber hecho esta investigación.

Remita cualquier duda sobre este artículo a Luis Moisés Morales Crispín.

RESUMEN

El proceso de selección artificial está fundamentado en un método de selección especializado, donde las características deseables son aquellas de interés económico-productivo para el sistema de producción animal. Sin embargo, este modelo no está del todo fundamentado en la sustentabilidad y resiliencia de los sistemas ganaderos, ya que pone de manifiesto la selección de

ciertas características productivas, descuidando o restándole importancia a características también deseables como, fertilidad, resistencia a enfermedades (bacterianas, virales), infestaciones por parásitos o incluso a características de adaptación ambiental como: lluvias erráticas, sequías, temperaturas extremas, forrajes más lignificados, entre otros. En consecuencia, se pone de manifiesto que solo los animales que sean capaces de adaptarse, a las futuras condiciones ambientales, parasitarias y de enfermedades, con la velocidad con que se manifiestan, serán los que mayor valor genético productivo poseerán para satisfacer las necesidades de alimentos de origen animal de la creciente población. La identificación de genes del complejo mayor de histocompatibilidad que confieren resistencia/susceptibilidad a enfermedades, en mayor o en menor grado, representa una herramienta de suma importancia en la identificación de dichos animales. Bajo este contexto, es importante poder identificar los genes que codifican a características de adaptación/resistencia en los animales, con la finalidad de conservarlos primeramente y hacer uso adecuado en encastes dirigidos.

Palabras clave: Adaptación, resistencia, salud, enfermedad, criollo.

ABSTRACT

The artificial selection process is based on a specialized selection method, where the desirable characteristics are those of economic-productive interest for the animal production system. However, this model is not entirely based on the sustainability and resilience of livestock systems, since it reveals the selection of certain productive characteristics, neglecting or downplaying desirable characteristics such as fertility, resistance to diseases (bacterial, viral), infestations by parasites or even environmental adaptation characteristics such as: erratic rains, droughts, extreme temperatures, more lignified forages, among others. Consequently, it becomes clear that only animals that are capable of adapting to future environmental, parasitic and disease conditions, with the speed with which they manifest, will be the ones with the highest productive genetic value to satisfy food needs. of animal origin from the growing population. The identification of major histocompatibility complex genes that confer resistance/susceptibility to diseases, to a greater or lesser degree, represents a very important tool in the identification of these animals. In this context, it is important to be able to identify the genes that encode adaptation/resistance characteristics in animals, in order to conserve them first and make appropriate use in directed breeding.

Keywords: Adaptation, resistance, health, disease, Creole.

INTRODUCCIÓN

La ganadería, de forma generalizada, es considerada como un renglón socioeconómico de gran importancia para el desarrollo del campo, ha sido y es cuestionada fuertemente por su desempeño productivo y por su impacto ambiental (Mahecha *et al.*, 2002).

Las razas “autóctonas o criollas” son aquellas razas que constituyen grupos uniformes, presentan un alto grado de adaptación al entorno en el que se han desarrollado, constituyendo así verdaderos ecotipos (Bouzat *et al.*, 1998). Aspectos genéticos inherentes a la raza, su resistencia y/o predisposición a patologías, así como características del pelaje y la piel son elementos importantes en la selección de una raza que interactúe de manera armónica con el ambiente. Las características climáticas de las diferentes regiones, algunas veces no favorecen la expresión del potencial genético del animal para la producción. Conocer el contexto ambiental en el que se desarrollara la actividad ganadera, permitirá la comprensión de las características que requiere la raza y la respuesta animal requerida para que esta exprese su productividad, resultando de vital importancia a la hora de recurrir a estrategias para lograr un mínimo de condiciones que procuren el desarrollo del animal y en el establecimiento de mejoras en las condiciones para producir alimentos de origen animal (Esquivel, 2012).

Varios autores señalan que los ganados criollos presentan resistencia a enfermedades, lo cual, incrementa su valor como recurso genético (Posso *et al.*, 2012). Ya que las enfermedades infecciosas son parte de los problemas que afectan frecuentemente la crianza de animales domésticos, estas representan una de las principales causas de morbilidad y mortalidad animal y que provoca pérdidas productivas, siendo un problema sanitario que representa un factor limitante en la rentabilidad de la ganadería (Díaz *et al.*, 2005; Gómez-Castro *et al.*, 2006).

Los recursos zoogenéticos presentan, además, otros rasgos de interés que cada vez cobran mayor valor en los sistemas de producción; como la tolerancia al calor y humedad, su alta fertilidad y longevidad, la rusticidad y su capacidad para aprovechar forrajes toscos, aunado a la resistencia a parásitos y enfermedades. En este último aspecto, la selección natural ha desempeñado, indudablemente, un papel fundamental en la reducción de la sensibilidad a patógenos endémicos. En cambio, en animales domésticos las prácticas de selección se han dirigido durante mucho tiempo a incrementar los rendimientos productivos, y se ha hecho poco énfasis sobre la resistencia a enfermedades. De hecho, hay pruebas crecientes de que mediante la intensa selección genética llevada a cabo para aumentar los parámetros productivos los animales se han vuelto más sensibles a enfermedades (Luetkemeier *et al.*, 2007; Hernández *et al.*, 2014).

VALOR DE LOS RECURSOS ZOOGENÉTICOS

En México, a partir de algunas décadas se consideró de importancia la conservación y rescate de los recursos genéticos nativos como parte de un proceso productivo alternativo de largo plazo (Vilaboa *et al.*, 2007).

De manera general, la diversidad de los recursos zoogenéticos es esencial para satisfacer las necesidades humanas básicas de alimentos y medios de vida, ya que históricamente han cumplido con funciones importantes en la dinámica de los agroecosistemas campesinos: contribuyendo en satisfacer las necesidades humanas al proporcionar carne, leche, productos lácteos, huevos, fibras, ropa, recursos para el alojamiento (Silva, 2014), además utilizan la energía y los nutrientes captados en los forrajes y aprovechan los subproductos agrícolas y en algunos casos, también aprovechan los desechos caseros; bajo este contexto, aportan alimentos para la familia y concentran materia orgánica por medio del estiércol, el cual, sirve de abono para el subsistema pasto por el reciclaje de nutrientes. Por otra parte, los animales no sólo satisfacen las necesidades directas de la familia, con la venta de becerros, cerdos, borregos o aves, permiten hacer frente a necesidades económicas eventuales; así como con la venta de la producción de leche y huevos se genera un ingreso relativamente constante (Nahed, 2002).

Estas importantes características permiten considerar a los recursos zoogenéticos como una reserva genética y se debe promover primordialmente su conservación *in situ*, como especies domesticadas de alto valor económico. En general se encuentran distribuidos desde zonas muy bajas como es el trópico húmedo hasta los ecosistemas de montaña, indicando evoluciones diferentes en cada caso. Cada uno de ellos tiene cierto grado de adaptación al medio donde han evolucionado, indicando que pueden poseer un conjunto de genes único para el ambiente específico (Tewolde 1996; Postiglioni *et al.*, 2002).

La necesidad de ser más eficientes no es una discusión de este siglo, es una añeja preocupación internacional que pretende incorporar una serie de estrategias en los diferentes planes de desarrollo, con el objeto de apuntar a una mejora productiva, que a su vez permita una transformación de los sistemas de producción (Urdaneta, 2009). Por ejemplo: en muchas partes de África, la cría de animales con razas locales es la única estrategia de producción viable, debido a las adversidades climáticas y a las condiciones nutricionales. Sin embargo, debido a la alta demanda de alimentos y a las características de calidad, hay escenarios en los que existe demanda de razas exóticas y sus cruces con las razas nativas o criollas (Scholtz y Theunissen, 2010).

De tal manera, la conservación genética de dichos recursos se debe realizar en aquel entorno en que han desarrollado potencialmente sus propiedades específicas (rusticidad, alta fertilidad,

longevidad). La conservación in situ de los recursos zoogenéticos pretende mantener también el entorno en donde éstas han desarrollado sus propiedades específicas, siendo de particular interés la búsqueda de aquellas variantes alélicas ocultas producto del proceso de la domesticación (Postiglioni *et al.*, 2002).

Actualmente, la caracterización genética de estos recursos se ha abordado principalmente con marcadores cromosómicos, inmunológicos y moleculares, permitiendo analizar su grado de variación y relación con otras razas criollas o nativas de la región y del continente americano. Los resultados preliminares han permitido considerarla un recurso cuya diversidad genética se ha mantenido por la presión de la selección natural (Postiglioni *et al.*, 2002).

LA RESISTENCIA COMO UNA EXPRESIÓN GENÉTICA

La resistencia genética es un rasgo multigénico, es decir, determinado por muchos genes, entre los cuales se encuentran los que codifican las moléculas que forman parte del sistema inmune (Díaz *et al.*, 2005). Es importante saber que la respuesta inmune está controlada en muchos casos, por genes que pertenecen a un grupo conocido como Complejo Mayor de Histocompatibilidad (CMH) (Cen *et al.*, 2011). El complejo mayor de histocompatibilidad (CMH) es un conglomerado de genes que regulan el procesamiento y reconocimiento de antígenos extraños, siendo el principal componente genético de resistencia o susceptibilidad a enfermedades infecciosas (Zambrano *et al.*, 2011).

La información codificada por dichos genes es tan crítica que el cambio en un solo nucleótido (mutación puntual) del ADN (Ácido Desoxirribonucleico) puede ser suficiente para desencadenar enfermedades hereditarias, hacer a los individuos más o menos vulnerables a padecerlas crónicamente, o ser susceptibles a contraer enfermedades infecciosas (Díaz *et al.*, 2005).

En el bovino, el CMH se conoce como BoLA "Bovine Lymphocyte Antigen" (Antígeno Linfocitario Bovino), el cual ha sido mapeado en el brazo corto del cromosoma 23 y está conformado por las clases I, II y III, de acuerdo con diferencias en la distribución celular y la función (Gómez-Castro *et al.*, 2006). Inicialmente se exploró la distribución genética del BoLA con métodos serológicos, identificando la contribución de genes del BoLA en diversas enfermedades (Custodio *et al.*, 2011). Los genes clase II están distribuidos en dos diferentes regiones IIa y IIb, codifican glicoproteínas que se unen a péptidos exógenos y son normalmente expresadas por células del sistema inmune como macrófagos, células dendríticas y linfocitos T y B. En la región IIa están ubicados los genes DRA, DRB, DQA y DQB, y la región IIb, incluye a los genes DOB, DYB, DYA y DIB. El locus DRB presenta tres loci: DRBP1, DRB2 y DRB3; el exón 2 del DRB3 (DRB3.2) codifica un sitio de unión

al antígeno y recientemente se han investigado sus características, así como el efecto biológico de sus variaciones (Gómez-Castro *et al.*, 2006).

La diversidad de las proteínas codificadas en el CMH se debe al polimorfismo de los genes que se encuentran en este complejo. Esta diversidad genética sería la responsable de la variación genotípica en la resistencia o susceptibilidad a enfermedades infecciosas. Los loci del MHC desempeñan un rol central en la respuesta inmune, por lo que constituyen genes candidatos para el estudio de asociación entre marcadores genéticos y resistencia/susceptibilidad a enfermedades infecciosas (Díaz *et al.*, 2005).

RESISTENCIA A ENFERMEDADES INFECCIOSAS

La cría de animales genéticamente resistentes es una de las maneras prometedoras de controlar las enfermedades infecciosas, ya que la alta resistencia del huésped es el método más importante para controlar ciertas enfermedades, pero hasta hoy ninguna raza es inmune totalmente (Prajapati *et al.*, 2017). Algunos autores han desarrollado investigaciones en relación a la asociación de genes del CMH y resistencia/susceptibilidad a diversas enfermedades infecciosas, principalmente en aquellas de importancia económica en los diferentes sistemas de producción, entre dichos trabajos podemos mencionar los siguientes:

En el ganado bovino en el CMH-Bola, se ha descrito al gen DBR3 como altamente polimórfico, ubicado en el cromosoma 23q ligado al microsátelite CPY21 (Postiglioni *et al.*, 2002). Codifica dos tipos de glicoproteínas de membrana, molecular y funcionalmente diferentes (BoLA clase I y BoLA clase II) cuyas funciones primarias son la presentación de antígenos procesados a las células efectoras del sistema inmune. La región BoLA-A (clase I) comprende 50 aloantígenos, los genes Bola clase II están distribuidos en dos regiones II-A y II-B. La región BoLA es de particular interés debido al papel que tienen los genes clase I y II en la inmunidad natural (Andersson y Davies, 1994). Previa investigación han demostrado fuertes asociaciones entre alelos de la región BoLA y la susceptibilidad/resistencia a enfermedades como la mastitis (Trujillo-Bravo y Cartagena, 2005).

En un trabajo, Martínez *et al.*, (2005) encontraron alta variabilidad para el locus BoLA DRB3.2 en la raza criolla Blanco Oreginegro (BON). En dicho trabajo se encontró un efecto significativo de la raza para las variables NBT 0 (Unidades Formadoras de Colonia), SOB24 (sobrevivencia), y el genotipo para las variables NBT 0 e infestación por *Dermatobia hominis* ($p < 0.05$). Se encontraron asociaciones significativas con la resistencia a brucelosis y entre bajos niveles de infestación por *Dermatobia hominis* con los alelos DRB3*2701 y DRB3*2801 ($p < 0.05$).

En ganado criollo peruano, se lograron identificar 34 genotipos diferentes compuestos por 27 alelos, de los cuales 6 son nuevos y 21 previamente reportados. Los alelos *1801, *14011 y *4802 fueron los más frecuentes en las poblaciones analizadas, siendo de gran importancia pues reportan asociación a resistencia a mastitis e infestación por garrapatas (Vallejo *et al.*, 2014).

Incluso, Custodio *et al.*, (2011) identificaron los alelos A, B y C relacionados con la resistencia y susceptibilidad a *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* en ganado bovino tanto en el locus BoLA DRB3.2 como en BoLA BM1815. Las frecuencias alélicas estimadas fueron: en el locus DRB3.2 la frecuencia del alelo A fue de 0.2742, del alelo B fue de 0.5000 y del alelo C fue de 0.2258, en el locus BM1815, la frecuencia del alelo A fue de 0.3295. Se concluye que los alelos A, B y C de los loci DRB3.2 y BM1815 del Complejo Mayor de Histocompatibilidad BoLA Clase II están relacionados con la resistencia a *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* en ganado bovino peruano. En ganado cruzado (Gyr x Holstein) también se encontró una asociación entre los alelos BoLA y el número de garrapata inferior para los alelos DRB3.2 * 18, * 20 y * 27 al nivel de significación del 5%, estos resultados sugieren que los alelos de BoLA-DRB3.2 podrían usarse para ayudar en la selección de animales resistentes a la infestación de garrapatas (Martinez *et al.*, 2006).

En un estudio más reciente, Bolaños *et al.*, (2017) encontraron una asociación positiva ($p < 0,001$) entre los alelos *1101 (OR = 9.1), *2006 (OR = 5.4) y *20012 (OR = 7.2) con la ausencia de *Babesia bigemina* y se consideraron como alelos de resistencia, lo que permite concluir que algunos alelos DRB3,2 en el ganado criollo Hartón del Valle le confieren resistencia a la infección con *Babesia bigemina*.

Sin embargo, no solo la identificación de alelos que confieren resistencia pueden ser usados como indicador de selección de animales resistentes, la identificación de animales portadores de genes de susceptibilidad también puede servir como herramienta para seleccionar a los progenitores. Como ejemplo, los criadores de ganado han observado que la susceptibilidad a la dermatofiosis parece estar determinada genéticamente, por lo que Maillard *et al.* (2003), se dieron a la tarea de identificar esta característica, encontrando un marcador haplotipo BoLA- DRB3- DQB clase II ($R^2 = 0.96$) de alta susceptibilidad a la enfermedad. Con este marcador, se desarrolló un exitoso procedimiento de selección eugenésica para ganado Cebú Brahman en Martinica (FWI). Durante un período de cinco años, se logró una marcada reducción de la prevalencia de la enfermedad, de 0.76 a 0.02, y este bajo nivel se ha mantenido en los últimos dos años.

Otros autores también han podido determinar asociaciones de BoLA-DRB3 con enfermedades infecciosas y con el conteo de células somáticas (CCS). Gómez-Castro *et al.*, (2006) analizaron la raza sintética colombiana Lucerna, para el microsatélite DRB3 intrón 2. En el cual encontraron que

la subpoblación con diagnóstico negativo de mastitis clínica, la mayor proporción de animales presentó bajo conteo de células somáticas y una mayor tendencia a salud en la ubre. El efecto significativo del alelo 191 sobre el alto recuento de células somáticas, permitió establecer que la menor frecuencia de este alelo en el hato uno coincide con un menor promedio de células somáticas en este mismo hato.

Por otra parte, Zambrano *et al.*, (2011) analizando ganado BON x Holstein y Holstein puro encontraron que los alelos asociados con susceptibilidad a mastitis subclínica fueron DRB3.2*8 ($p < 0.10$) y el *14 ($p < 0.01$), de otro lado el alelo *33 fue asociado con resistencia a esta misma enfermedad ($p < 0.01$).

Mejdell *et al.*, (1994) encontraron efectos significativos del complejo BoLA sobre el desarrollo y evolución de la enfermedad describiendo los alelos A2 en asociación con resistencia relativa a mastitis, una influencia positiva sobre la fertilidad y una posible resistencia relativa a la cetosis, mientras que A13 se asoció con una resistencia relativa a cetosis.

Analizando la respuesta animal a enfermedades virales como la Leucosis Enzootica Bovina (VLB), Lendez *et al.*, (2010), encontraron que luego de la infección por VLB, la expresión del mensajero del TNF- α se ve aumentada en aquellos animales capaces de eliminar el virus en la fase aguda de la infección. Esto sugiere que esta citoquina tendría un rol importante en la eliminación del virus. Demostrando que la homocigosis G/G en la posición -824 de la región promotora del TNF- α estaría asociada con el desarrollo de linfosarcoma. Por otro lado, el alelo *902 del gen BoLA DRB3.2 del complejo mayor de histocompatibilidad de clase II está asociado con la resistencia a la diseminación viral y a la baja carga proviral.

También Hernández-Herrera *et al.*, (2011), evaluaron la presencia de VLB en ocho razas bovinas criollas y dos foráneas (Holstein y brahmán), encontrando que el promedio de presencia en las razas criollas fue menor que en las foráneas. Incluso entre las mismas razas criollas la presencia de VLB fue mayor entre las razas Hartón del Valle (83.3%) seguida de Chino Santandereano (60%), pero no se encontró el virus en Blanco Oreginegro (BON), San Martinero (SM) ni en Romosinuano (RS) sugiriendo una alta resistencia de estas razas al virus.

Posteriormente en otro estudio concluyente, empleando los mismos genotipos de razas criollas y dos foráneas, Hernandez *et al.*, (2014) evaluaron los polimorfismos del gen BoLA-DRB3.2 y la asociación entre la ausencia (resistentes) del VLB y los alelos *21, *24 y *37 y la presencia (susceptibles) del VLB y los alelos *6 y *42 en las razas criollas. La frecuencia acumulada de los alelos resistentes fue de 23.7% contra 6% de los susceptibles.

El 10% de los individuos fue genotipificado como Resistente/Resistente, el 2.5% como Susceptible/Susceptible y el 57% fue de genotipo homocigoto neutral (N/N) en el ganado criollo colombiano. En las razas foráneas, el 16% fueron Resistente/Resistente y el 8.3% Susceptible/Susceptible. Los resultados indican que el ganado criollo colombiano posee genes de resistencia al VLB.

Incluso en un estudio exclusivamente con ganado Criollo Mexicano, Félix *et al.*, (2006) determinaron la secuencia nucleotídica de diez alelos BoLA-DRB3.2 detectados por PCR-RFLP. La metodología utilizada para determinar dicha secuencia fue la SBT (sequence based typing). De los diez alelos analizados se logró determinar que dos correspondieron a los alelos DRB3*1602 y DRB3*1501 ya reportados en la base de datos BoLA. Los ocho restantes tuvieron secuencias nucleotídicas diferentes a las publicadas con anterioridad. Tres de los alelos definidos en este estudio mostraron homologías máximas del 99 % al compararse con los alelos oficialmente reportados; cuatro más tuvieron 98 % de homología y uno de ellos mostró una identidad máxima del 94 %. Concluyendo que estos ocho alelos no han sido reportados previamente. Las secuencias peptídicas deducidas para estos alelos mostraron diferencias en el rango del 2 hasta el 51 % con respecto a los péptidos publicados oficialmente. El análisis de la secuencia de estos nuevos alelos respalda la hipótesis de que el ganado Criollo mexicano posiblemente tiene mayor potencial genético para responder a una gama más amplia de antígenos patógenos, que las otras razas de bovino estudiadas hasta el momento.

CONCLUSIÓN

El conocer las características de resistencia/susceptibilidad a enfermedades infecciosas permite determinar el fenotipo y genotipo necesario para la productividad del sector ganadero, sin embargo, con la identificación de la asociación de genes del Complejo Mayor de Histocompatibilidad – BoLA, que brindan resistencia/susceptibilidad a diversas enfermedades infecciosas, es de vital importancia, ya que funge como complemento de selección de la o las razas que se requieren para mejorar la productividad ganadera. Varios estudios se han centrado en identificar estos genes que le confieren características de adaptación a los recursos zoogenéticos en los diferentes agroecosistemas ganaderos. Es por esto que ahora, dichos recursos son valorados como reservorios de variabilidad genética y se reconoce que son necesarios para la evolución adaptativa de los nuevos sistemas de producción, los cuales están fuertemente influenciados por la creciente necesidad de cumplir con la alta demanda de alimentos y por la fuerte influencia de factores externos no antropogénicos como altas temperaturas, variación en la cantidad de lluvias,

disponibilidad y calidad de alimentos, etc. Es importante señalar que los trabajos hasta ahora realizados ponen en evidencia el importante papel que juegan los recursos zoogenéticos o razas criollas para lograr cumplir con los objetivos.

LITERATURA CITADA

- Bolaños, I., Hernández, D. & Álvarez, D., 2017. Asociación de los alelos del gen BoLA-DRB3 con la infección natural de *Babesia* spp en el ganado criollo Hartón del Valle. Archivos de Zootecnia, 66(253), pp.113–120. <https://doi.org/10.21071/az.v66i253.2133>
- Bouzat, J.L. *et al.*, 1998. Genética de la conservación de razas autóctonas: el ganado criollo argentino. pp.151–157.
- Custodio, M., López, C. & Arauco, F., 2011. Alelos del complejo mayor de histocompatibilidad BoLA clase II asociados a la resistencia y susceptibilidad a *Boophilus microplus* en ganado bovino, Junín – Perú. Scientia Agropecuaria, 2, pp.131–137. <https://doi.org/10.17268/sci.agropecu.2011.03.02>
- Díaz, S., Ripoli, M. V & Giovambattista, G., 2005. Marcadores genéticos para resistencia y susceptibilidad a enfermedades infecciosas en animales domésticos. Los Loci del Complejo Mayor de Histocompatibilidad (MHC) como genes candidatos. Analecta Veterinaria, 25(1), pp.40–52.
- Esquivel, C., 2012. La raza, el pelo y la piel en función del bienestar animal *. Mundo Pecuario, 8(1), pp.73–85.
- Félix, M. *et al.*, 2006. Secuenciación de nuevos alelos BoLA-DRB3. 2 detectados en ganado Criollo mexicano Sequencing of new BoLA-DRB3. 2 alleles detected in Mexican Creole cattle. Técnica Pecuaria México, 44(1), pp.15–25.
- Gómez-Castro, S. *et al.*, 2006. Polimorfismos de BoLA-DRB3 en el bovino sintético colombiano Lucerna y asociación con conteo de células somáticas y mastitis. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, 19(3), pp.270–279.
- Hernández-Herrera, D. *et al.*, 2011. Detección del virus de la leucosis bovina en ganado criollo colombiano mediante PCR-anidado. Acta Agronómica, 60(4), pp.312–318.
- Hernández, D., Álvarez, L. & Muñoz, J., 2014. Evaluación de la resistencia genética del ganado criollo Hartón de Valle al virus de la Leucosis Bovina en infección natural. Actas Iberoamericanas de Conservación Animal, 4, pp.3–5.

- Hernandez, D., Muñoz, J. & Álvarez, F., 2014. Association between the Locus BoLA-DRB3.2 and bovine Leukemia Virus in creole colombi breeds. *Revista Colombiana de Ciencia Animal*, 6(2), pp.319–326.
- Lendez, P. *et al.*, 2010. Polimorfismo del promotor bovino y su asociación con la resistencia del huésped a la diseminación del virus de la leucosis - Polymorphism of the. *Revista Electronica de Veterinaria*, 11, pp.1–10.
- Luetkemeier, E., Zuckermann, F. & Schook, L., 2007. Resistencia a enfermedades. *SUIS*, 42.
- Mahecha L., Sc, M. y Gallego L.A., 2002. Situación actual de la ganadería de carne en Colombia y alternativas para impulsar su competitividad y sostenibilidad. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 15, pp.213–225.
- Maillard, J.C. *et al.*, 2003. Selection assisted by a BoLA-DR / DQ haplotype against susceptibility to bovine dermatophilosis. *Genetics Selection Evolution*, 35(1), pp.193–200. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-35-S1-S193>
- Martinez, M.L. *et al.*, 2006. Association of BoLA-DRB3 . 2 alleles with tick (*Boophilus microplus*) resistance in cattle. *Genetics and Molecular Research*, 5(3), pp. 513-524.
- Martínez, R. *et al.*, 2005. caracterización del locus BoLA-DRB3.2 en ganado criollo colombiano y asociación con resistencia a enfermedades. *Archivos de zootecnia*, 54, pp.349–356.
- Mejdell, C.M. *et al.*, 1994. Association of major histocompatibility complex antigens (BoLA-A) with AI bull progeny test results for mastitis, ketosis and fertility in Norwegian Cattle. pp.99–104. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1994.tb00435.x>
- Nahed, J., 2002. Animales domésticos y agroecosistemas campesinos. *LEISA agroecología*, 18(1), pp.10–11.
- Posso, A.M. *et al.*, 2012. Asociación del gen BoLA-DRB3.2 con el virus de la leucosis bovina (VLB) en ganado criollo hartón del Valle. *Acta Agronómica*, (32), pp.22–23.
- Postiglioni, A. *et al.*, 2002. Genetic biodiversity in uruguayan creole cattle. Analysis with molecular markers. *Archivos de zootecnia*, 51(194), pp.195–202.
- Prajapati, B.M. *et al.*, 2017. Molecular markers for resistance against infectious diseases of economic importance. *Veterinary World*, 10, pp.112–120. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2017.112-120>
- Scholtz, M.M. & Theunissen, A., 2010. The use of indigenous cattle in terminal cross- breeding to improve beef cattle production in Sub-Saharan Africa. *Animal Genetic Resources*, 46, pp.33–39. <https://doi.org/10.1017/S2078633610000676>

- Silva, A., 2014. El plan de acción mundial de la FAO sobre los recursos zoogenéticos y su aplicación en Latinoamérica y el Caribe 1. Revista cubana de ciencia agrícola, 48(1), pp.34–41.
- Tewelde, A., 1996. Los Criollos bovinos y los sistemas de producción animal en los trópicos de América Latina Comportamiento de los Criollos y otros genotipos en condiciones tropicales. Agronomía Universidad de Tamaulipas, pp.13–19.
- Trujillo-Bravo, E. & Cartagena, L.A., 2005. Detección de los polimorfismos de 4 STRS en la región BoLA y análisis de su efecto sobre mastitis clínica bovina en la raza Holstein. Actual Biology, 27(83), pp.159–169. <https://doi.org/10.17533/udea.acbi.329420>
- Urdaneta, F., 2009. Mejoramiento de la eficiencia productiva de los sistemas de ganadería bovina de doble propósito (Taurus-Indicus). Asociación Latinoamericana de Producción Animal, 17(3 y 4), pp.109–120.
- Vallejo, A.R. *et al.*, 2014. Detection of BoLA DRB3 -2 genetic polymorphism in peruvian creole cattle by SSCP. Actas Iberoamericanas de Conservación Animal, 4, pp.129–131.
- Vilaboa, J. *et al.*, 2007. El criollo lechero tropical (CLT) en el contexto de la ganadería mexicana. Agroentorno, 4, pp.28–29.
- Zambrano, J., Echeverri, J. & López-Herrera, A., 2011. Alleles of the BoLa DRB3.2 gene are associated with mastitis in dairy cows. Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, 24(63), pp.145–156.

Copyright © 2023 Morales Crispín Luis Moisés, Velázquez-Silvestre María Gisela, Castillo Capitán Guadalupe, Domínguez Cartas Víctor Manuel.



Este texto está protegido por una licencia [Creative Commons 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/).

Usted es libre para Compartir —copiar y redistribuir el material en cualquier medio o formato— y Adaptar el documento —remezclar, transformar y crear a partir del material— para cualquier propósito, incluso para fines comerciales, siempre que cumpla la condición de:

Atribución: Usted debe dar crédito a la obra original de manera adecuada, proporcionar un enlace a la licencia, e indicar si se han realizado cambios. Puede hacerlo en cualquier forma razonable, pero no de forma tal que sugiera que tiene el apoyo del licenciante o lo recibe por el uso que hace de la obra.

[Resumen de licencia - Texto completo de la licencia](#)