

DIVERSIDAD GENÉTICA EN LA CABRA CRIOLLA VENEZOLANA MEDIANTE ANÁLISIS CON MICROSATELITES

Genetic Diversity In Venezuelan Creole Goat Through Microsatellite Analysis

José Aranguren-Méndez¹, María Portillo-Ríos¹, Xomaira Rincón¹, Amparo Martínez², Luis Dickson³ y Ramón D'Aubeterre³

¹Laboratorio de Genética Molecular. Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad del Zulia. Maracaibo-Venezuela.

²Laboratorio de Genética Molecular Aplicada. Departamento de Genética, Universidad de Córdoba 14071-Córdoba-España.

³Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas. INIA-Lara. Venezuela. atilio.aranguren@fcv.luz.edu.ve-atilioaranguren@gmail.com

RESUMEN

Se estimó la diversidad genética en la cabra Criolla venezolana mediante la amplificación por PCR de 29 microsatélites en 50 animales. El conjunto de marcadores moleculares utilizados son los propuestos por la FAO y la ISAG para estudios de biodiversidad. Los resultados muestran que existe una alta variabilidad genética, con una heterocigosidad esperada de 0,65 y número medio de alelos de 6,2. La medida de diversidad genética reveló un buen estatus de la biodiversidad en la cabra Criolla venezolana, lo cual permite concluir que, el uso sistemático de los marcadores moleculares en este tipo de estudio podría facilitar el entendimiento del manejo poblacional y constituirá una excelente estrategia para la conservación de esta especie.

Palabras clave: Diversidad genética, cabra, conservación, microsatélite.

ABSTRACT

Genetic diversity in the Venezuelan Creole goat breed was estimated using PCR amplification of 29 microsatellites in fifty animals. The used sets were the ones proposed by the FAO and ISAG for biodiversity studies. The results of the present study showed that the genetic diversity was high, with an expected heterozygosity average of 0.65 and a mean number of alleles per locus of 6.2. Genetic diversity measures revealed a good status of biodiversity in the Venezuelan Creole goat breed. The systematic use of molecular markers will facilitate the comprehensive management of the populations and will constitute a good strategy to preserve this specie.

Key words: Genetic diversity, goat, conservation, microsatellite.

INTRODUCCIÓN

La cabra (*Capra hircus*) es una de las primeras especies en ser domesticadas, ya hace más de 10 mil años y ocurrió cerca de las laderas de la regiones del Suroeste de Asia, en las montañas Zargos, lo que hoy en día se corresponde con la frontera entre Irán e Irak [28]. Cabe destacar que, debido a su tamaño reducido y capacidad de adaptación alta a medioambientes diversos es la especie más ampliamente difundida en el mundo y representa una de las cuatro primeras especies de importancia mayor en lo que a producción de alimentos se refiere [21]. En América, la cabra llegó a través de los conquistadores españoles, provenientes del sur de España y las Islas Canarias [33, 39, 42]. Esta especie no fue traída con fines meramente productivos, más bien como provisión de la tripulación y el desecho fue dejado en las Antillas [43], desde donde ingresaron a Venezuela por la Península de Paraguaná e Isla de Margarita [32, 38].

Se cree que las primeras cabras venían más específicamente de Granada, Murcia y/o Málaga y que pertenecían a las razas Blanca Celtibérica o Serrana y Castellana de Extremadura [1]; no obstante, estudios recientes con ADN mitocondrial indica una gran influencia de la raza canaria en las razas caprinas de Centro y Suramérica [2]. La abundancia de pastos naturales, el desconocimiento de prácticas de manejo por parte de los nativos y la poca galanura de la actividad para ser realizada por los conquistadores hicieron que estos animales se esparcieran libremente por el nuevo continente [31].

En la actualidad, Venezuela cuenta con una población estimada de 1.057.056 caprinos, aunque se desconoce cuántos de ellos, son criollos [34]. A pesar de todo ese potencial que presentan las razas locales, como son la gran adaptación al medio tropical, la resistencia a plagas y enfermedades del trópico atraviesan una gran erosión, producto principalmente del cruzamiento constante con otras razas foráneas mejoradas en la búsqueda de producir cada vez mayor cantidad de

alimentos [37]. Al perderse estas razas, se pierden los genes que poseen, y el mayor problema es el gran desconocimiento que se tiene de muchas de estas poblaciones con tendencia a la extinción, en cuanto a su posible respuesta a la mejora genética, a la productividad en un ambiente determinado, o si son portadoras de algunos genes mayores interesantes y valiosos en los momentos actuales o en el futuro [3, 4].

Otro de los factores que afectan a estas poblaciones minoritarias son los apareamientos entre individuos emparentados, que se traducen genéticamente en un incremento de la consanguinidad (homocigosis) con la consiguiente depresión consanguínea, es decir, una reducción de los valores medios fenotípicos de los caracteres productivos y reproductivos, y por último, y como consecuencia de esos problemas reproductivos, la disminución inevitable y/o extinción de la población [48]. Pese a que se calcula que el sustento total o parcial de cerca de 2000 millones de personas en el mundo depende del mantenimiento de razas de animales locales o criollas, la mayoría está en riesgo de perderse al ser remplazadas por animales foráneos [17, 37].

La disminución en el número mundial de razas está afectando de forma dramática a todas o casi todas las especies, surgiendo la controversia de si se tienen o no que conservar [26, 29]. En la conservación de los recursos genéticos, el objetivo principal consiste en preservar la variabilidad dentro de las poblaciones, bajo la hipótesis de existencia de correlación entre la variación genética y la viabilidad de la población. Por ello, la necesidad de cuantificar dicha diversidad (variabilidad), para así poder realizar una mejor y más acertada política de conservación [3]. Consecuentemente, una de las etapas principales de un programa de conservación consiste en la evaluación de la diversidad genética y su distribución en la población [4].

En los últimos años, la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), ha propuesto para el manejo de los recursos genéticos, metodologías moleculares para el análisis de los *loci* microsatélites [9, 30]. Los microsatélites son un tipo de marcador de ADN de 1 a 6 pares de bases (pb) que se repiten aleatoriamente en el genoma, hasta unas 60 veces, y están considerados como una de las herramientas más poderosas para estudios genético-poblacionales [10]. Los microsatélites, debido a su propia naturaleza, presentan ciertas características que los hacen ser marcadores de elección para estudios de genética de poblaciones. Estas son: primero, se encuentran ampliamente distribuidos por todo el genoma; segundo, exhiben un grado de polimorfismo alto y tercero, son automatizables fácilmente con la posibilidad de amplificación múltiple de hasta más de cinco *loci* en una simple reacción de Polymerase Chain Reaction-Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) y de cargas múltiples de hasta más de 15 *loci* por línea de análisis, en algunos sistemas optimizados [10]. Adicionalmente, y dado que se asumen como neutros a la selección, la diversidad genética observada es consecuencia únicamente de la deriva genética y la mutación [5].

El objetivo principal de este artículo fue caracterizar la variabilidad genética en la cabra Criolla de Venezuela a través del análisis de un conjunto de microsatélites, todo ello enmarcado como punto de inicio para la futura puesta en marcha de un programa de conservación genética de este germoplasma.

MATERIALES Y MÉTODOS

Muestras analizadas

Se obtuvieron muestras de sangre de 50 caprinos criollos (34 hembras y 16 machos), pertenecientes a un rebaño producto de un programa de recuperación de la raza que lleva a cabo el Instituto de Investigaciones Agronómicas (INIA-Lara) estación el Cují ubicada en el Km. 7 de la vía Barquisimeto-Duaca, parroquia Catedral del municipio Iribarren del estado Lara, Venezuela y que contó con la reagrupación de animales puros aún existentes, procedente de explotaciones ganaderas diferentes. El ADN se extrajo a partir de glóbulos blancos, de acuerdo al método estándar que incluye el lisado celular y la extracción con la mezcla de fenol:cloroformo:isoamilalcohol, en una proporción 25:24:1 [7].

Marcadores microsatélites

Para el estudio de la variabilidad genética se utilizaron 29 marcadores del tipo microsatélites: BM13291, BM1818, BM6506, BM6526, BM8125, CRSM60, CSRD247, CSSM66, ETH10, ETH225, HAUT27, HSC, ILSTS011, ILSTS19, INRA5, INRA63, MAF209, MAF65, McM527, MM12, OarFCB11, OarFCB304, OarFCB48, SPS115, SRCRSP23, SRCRSP24, SRCRSP5, SRCRSP8 y TGLA122. Estos microsatélites han sido propuestos por la FAO y la International Society Animal Genetics (ISAG) para estudios de biodiversidad. Las secuencias de los cebadores ("primers") y las condiciones de las reacciones de PCR pueden apreciarse en la TABLA I.

Condiciones de la PCR múltiple

Las PCR múltiple fueron llevadas a cabo en una reacción final de 15 μ L, de acuerdo a la metodología de Martínez y col. [31]. Para realizar la separación por tamaños de los fragmentos obtenidos mediante la PCR se sometieron éstos a una electroforesis en gel de poliacrilamida en un secuenciador automático ABI 377XL (Applied Biosystems, Foster City, CA, EUA). El análisis de los fragmentos y la tipificación alélica se realizó mediante los programas informáticos Genescan Analysis 3.1.2 y Genotyper 2.5, respectivamente.

Análisis estadístico

Las frecuencias alélicas (disponibles por parte de los autores, previa solicitud) y los valores medios de heterocigosidad esperada (H_E) y observada (H_O), para cada uno de los *loci* polimórficos y el test de frecuencias genotípicas para la desviación del equilibrio Hardy-Weinberg (EHW), fue calculado utili-

TABLA I
SECUENCIAS DE LOS CEBADORES, LOCALIZACIÓN CROMOSÓMICA¹ Y REFERENCIA
DE LOS 29 MICROSATÉLITES UTILIZADOS

Locus	Cr ¹	Secuencias (5' – 3')	Referencia
BM1329	6	F: TTGTTTAGGCAAGTCCAAAGTC R: AACACCGCAGCTTCATCC	[31]
BM1818	23	F: AGCTGGGAATATAACCAAAGG R: AGTGCTTTCAAGGTCCATGC	[46]
BM6506	1	F: GCACGTGGTAAAGAGATGGC R: AGCAACTTGAGCATGGCAC	[11]
BM6526	27	F: CATGCCAAACAATATCCAGC R: TGAAGGTAGAGAGCAAGCAGC	[36]
BM8125	17	F: CTCTATCTGTGGAAAAGGTGGG R: GGGGGTTAGACTTCAACATACG	[11]
CRSM60	10	F: AAGATGTGATCCAAGAGAGAGGCA R: AGGACCAGATCGTGAAGGCATAG	[36]
CSR247	-	F: GGAAGTGGCAGAACTCTGCAAT R: CACTGTGGTTTGTATTAGTCAGG	[25]
CSSM66	11	F: ACACAAATCCTTTCTGCCAGCTGA R: AATTTAATGCACTGAGGAGCTTGG	[8]
ETH10	5	F: GTTCAGGACTGGCCCTGCTAACA R: CCTCCAGCCCCTTTCTCTTCTC	[35]
ETH225	9	F: GATCACCTTGCCACTATTTCT R: ACATGACAGCCAGCTGCTACT	[35]
HAUT27	26	F: TTTTATGTTTCTTTTACTGG R: AACTGCTGAAATCTCCATCTTA	[47]
HSC	-	F: CTGCCAATGCAGAGACACAAGA R: GTCTGTCTCCTGTCTTGTGCATC	[22]
ILSTS011	14	F: GCTTGCTACATGGAAAGTGC R: CTAAAATGCAGAGCCCTACC	[23]
ILSTS19	21	F: AAGGGACCTCATGTAGAAGC R: ACTTTTGGACCCTGTAGTGC	[41]
INRA005	6	F: CAATCTGCATGAAGTATAAATAT R: CTTCAAGGCATACCCTACACC	[46]
INRA063	18	F: ATTTGCACAAGCTAAATCTAACC R: AAACCACAGAAATGCTTGAAG	[46]
MAF209	17	F: GATCACAAAAGTTGGATACAACGTGG R: TCATGCACTTAAGTATGTAGGATGCTG	[29]
MAF065	15	F: AAAGGCCAGAGTATGCAATTAGGAG R: CCACTCCTCCTGAGAATATAACATG	[36]
McM527	5	F: GTCCATTGCCTCAAATCAATTC R: AAACCACTTGACTACTCCCCAA	[22]
MM12	9	F: CAAGACAGGTGTTTCAATCT R: ATCGACTCTGGGGATGATGT	[37]
OarFCB11	2	F: GCAAGCAGGTTCTTTACCACTAGCACC R: GCCTGAACTCACAAGTTGATATATCTATCAC	[14]
OarFCB304	19	F: CCCTAGGAGCTTTCAATAAAGAATCGG R: CGCTGCTGTCAACTGGGTCAGGG	[49]
OarFCB48	17	F: GACTCTTAGAGGATCGCAAAGAACCAG R: GAGTTAGTACAAGGATGACAAGAGGCAG	[49]
SPS115	15	F: AAAGTGACACAACAGCTTCTCCAG R: AACGAGTGTCTAGTTTGGCTGTG	[33]
SRCRSP23	-	F: TGAACGGGTAAAGATGTG R: TGTTTTTAATGGCTGAGTAG	[40]
SRCRSP24	-	F: AGCAAGAAGTGTCCACTGACAG R: TCTAGGTCCATCTGTGTTATTGC	[40]
SRCRSP5	21	F: GGACTCTACCAACTGAGCTACAAG R: TGAATGAAGCTAAAGCAATGC	[6]
SRCRSP8	-	F: TGCGGTCTGGTTCTGATTTTAC R: CCTGCATGAGAAGTCGATGCTTAG	[29]
TGLA122	21	F: AATCACATGGCAAATAAGTACATAC R: CCCTCCTCCAGGTAATCAGC	[19]

zando un test exacto mediante el programa CERVUS usando el método de la Cadena de Markov [24].

Así mismo, se calculó el índice de contenido polimórfico (PIC) [12] y la probabilidad de exclusión (PE) de cada uno de los marcadores y la combinada para el conjunto de los *loci* analizados [24].

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Todos los marcadores amplificaron correctamente y fueron polimórficos en la cabra Criolla, excepto el marcador BM8125, quien resultó ser monomórfico. El número de alelos detectados por locus varió de dos para los microsatélites MAF209 y SPS115, a 14 en el microsatélite CSSM66 (TABLA II). En la Cabra Majorera el marcador BM8125 reportó 6 alelos y una PIC de 0,733, descartando el monomorfismo de este marcador en caprinos [1].

Se detectaron un total de 182 alelos, con un número medio de alelos por locus (N_a) en la población global de 6,28, valor este moderado, coincidiendo con reportes en la cabra canaria Majorera con un N_a de 6,95 [1], no obstante, resultó ser inferior a los valores hallados en las cabras nativas de China de 12 alelos [27].

La diversidad genética encontrada en la cabra Criolla en Venezuela, correspondió a 0,65, valor alto y que se encuentra en el rango reportado para otras cabras criollas y que oscila entre 0,59 y 0,82 [15, 16, 41, 44, 45] y muy próximo al valor de 0,70 indicado para las cabras nativas andaluzas, portuguesas, indianas y peruanas [13, 18, 20, 31]. No obstante, resultó ser superior a lo reportado en la cabra Majorera en Fuerteventura, de tan solo 0,59 [1].

El valor medio del PIC, lo cual es un índice de que tan informativos son estos marcadores, correspondió a 0,60, indicando que son altamente informativos para esta población. El índice de contenido polimórfico (PIC), entre los alelos polimórficos osciló de 0,28 para el alelo MAF209 a 0,83 para el alelo SRCRSP23 (TABLA II). Sobre este particular la literatura indica que, la distribución de la frecuencias alélicas de los marcadores resultan muchas veces ser más importantes, que el número absoluto de alelos por marcador, de esta manera aquellos marcadores con PIC superiores a 0,5 son indicativos de altamente informativos, entre 0,25 y 0,50 medianamente informativos y pocos informativos, aquellos cuyos PIC estén por debajo de 0,20 [1, 15]. En este estudio el 82% (23/28) estuvieron por encima de 0,5 y solo un marcador fue poco informativo, lo que permite indicar que se cuenta con un panel altamente informativo y de gran utilidad para estudios poblacionales, coincidiendo con otros estudios en cabras criollas [16].

La probabilidad de exclusión con este set de marcadores, ya sea con un padre conocido o ambos, arrojó una sensibilidad del 99,99%, es muy poco probable que una paternidad

falsa no sea reconocida, lo que lo hace excelente para posibles pruebas de paternidades u probabilidades de origen, estos hallazgos coinciden con otros reportes en cabras Criollas utilizando microsatélites [15, 31, 45].

La gran mayoría de los marcadores estuvieron en EHW, excepto los microsatélites CSRD247, ILST5011, CSSM66, ETH225, ETH10 y SRCRSP24, los cuales presentaron un déficit de heterocigoto que osciló entre 15,2 y 41,6% ($P < 0,05$). Una posible explicación, a que esta población de reducido tamaño censal se halle en equilibrio genético de Hardy-Weinberg, podría deberse al hecho de que dicho rebaño se fue conformando a partir de la reagrupación de individuos, coincidentes con el prototipo racial, de diferentes propietarios y de diversos lugares de la región. Posiblemente, la poca relación de parentesco existente entre ellos, y la más probable aleatorización de los apareamientos, ha comportado que esta reducida población de cabras criollas muestre un bajo nivel de consanguinidad (5,3%).

No obstante, la presencia de déficit en 6 de los 29 marcadores analizados, pudiese ser debido a dos causas; primero a un posible efecto de autostop o arrastre, al estar dicho marcador posiblemente asociado a una característica fenotípica de interés [5] o bien debido a la presencia de alelos nulos no detectables en estos marcadores. Confirmar esta posibilidad es difícil, ya que se considera un alelo como nulo cuando no puede ser amplificado, debido principalmente a una mutación en el punto de hibridación del cebador [3, 5]. Su determinación sería posible si se presentara en homocigosis, ya que no se obtendría producto amplificado de un determinado individuo para ese locus. Sin embargo, la existencia de dichos alelos es especialmente difícil de detectar cuando su frecuencia en la población es baja y cuando no se dispone de información genética fiable, como sería nuestro caso.

CONCLUSIONES

A pesar del grado de mestizaje alto con razas especializadas que se viene dando en países en desarrollo y la ausencia de un plan nacional de conservación, la cabra Criolla en Venezuela presenta niveles de diversidad genética altos (0,65), lo que la hace una especie con un gran interés para ser conservada. No obstante, se debe llevar a cabo programas de apareamientos de mínima consanguinidad para evitar la pérdida de variabilidad genética en esta raza.

Sobre ese particular, estudios que involucren análisis con marcadores genéticos tales como secuencias microsatélites, resultan ser muy valiosos para estas poblaciones locales y contribuyen a la creación de planes de conservación propios.

AGRADECIMIENTO

Los autores desean expresar su agradecimiento al Consejo de Desarrollo Científico y Humanístico de la Universidad del

TABLA II
LOCÍ ANALIZADOS, TAMAÑO MUESTRAL, NÚMERO DE ALELOS POR LOCUS, CONTENIDO DE INFORMACIÓN POLIMÓRFICA, HETEROCIGOSIS OBSERVADA Y ESPERADA, Y EL VALOR DE PROBABILIDAD OBTENIDO EN LA PRUEBA DE EQUILIBRIO HARDY-WEINBERG DE CADA UNO DE ELLOS

Locus	Na	N	H _O	H _E	PIC	Exc ₍₁₎	Exc ₍₂₎	EHW	Prob
BM13291	6	48	0,77	0,77	0,73	0,37	0,55	NS	0,004
BM6506	6	49	0,79	0,75	0,70	0,34	0,52	NS	-0,061
BM8125	1	49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	NS	0,000
BM1818	6	49	0,71	0,72	0,68	0,31	0,49	NS	0,014
CSRD247	7	34	0,47	0,75	0,72	0,37	0,55	**	0,383
HSC	8	37	0,81	0,83	0,80	0,48	0,65	NS	0,032
MM12	10	45	0,64	0,70	0,66	0,30	0,48	NS	0,087
OarFCB48	5	48	0,87	0,78	0,73	0,37	0,55	NS	-0,119
SRCRSP8	6	47	0,72	0,69	0,63	0,27	0,44	NS	-0,036
INRA63	4	46	0,58	0,51	0,41	0,13	0,23	NS	-0,146
MAF209	2	50	0,36	0,34	0,28	0,05	0,14	NS	-0,039
HAUT27	5	48	0,68	0,59	0,54	0,19	0,36	NS	-0,167
ILSTS011	7	49	0,42	0,73	0,67	0,31	0,48	**	0,416
SPS115	2	50	0,42	0,43	0,33	0,09	0,16	NS	0,028
TGLA122	7	50	0,70	0,75	0,71	0,35	0,54	NS	0,070
BM6526	10	47	0,83	0,83	0,80	0,49	0,66	NS	0,009
CRSM60	6	50	0,82	0,76	0,72	0,35	0,53	NS	-0,069
CSSM66	14	45	0,51	0,73	0,71	0,36	0,55	**	0,309
McM527	4	44	0,52	0,51	0,45	0,13	0,27	NS	-0,023
OarFCB11	9	49	0,71	0,77	0,73	0,37	0,55	NS	0,077
OarFCB304	10	48	0,58	0,64	0,59	0,24	0,41	NS	0,100
MAF65	6	46	0,67	0,75	0,70	0,33	0,51	NS	0,104
ETH225	4	48	0,20	0,31	0,28	0,05	0,15	**	0,348
ETH10	5	47	0,57	0,70	0,65	0,27	0,45	*	0,191
INRA5	5	39	0,84	0,70	0,64	0,27	0,44	NS	-0,202
ILSTS19	5	50	0,62	0,59	0,52	0,18	0,32	NS	-0,049
SRCRSP5	6	50	0,70	0,67	0,61	0,25	0,42	NS	-0,036
SRCRSP23	10	50	0,80	0,86	0,83	0,54	0,70	NS	0,071
SRCRSP24	6	49	0,57	0,67	0,62	0,26	0,43	*	0,152
Promedio	6,2	0,61		0,65	0,60	0,999	0,999	NS	0,053

Na= Número de Alelos observados N= número de individuos muestreados. H_O = Heterocigosis Observada. H_E = Heterocigosis Esperada. PIC = Índice de Contenido Polimórfico. EXCL(1) Probabilidad de Exclusión con 1 progenitor conocido. EXCL(2) = Probabilidad de Exclusión con ambos progenitores Conocidos. EHW= Equilibrio Hardy-Weinberg Prob=Valor de Significancia. (** P<0,01; * P<0,05; NS P>0,05).

Zulia (CONDES) por el financiamiento de esta investigación a través del Proyecto CC-0445-2012. Los datos aquí presentados forman parte del BioGoat Consortium (Cordoba-Spain).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] ACOSTA, J.M.; MARTÍNEZ, A.; PESTANO, J.; CABELLO, A.; BROWN, R.P.; SARAH-REY, S.; DELGADO, J.V. Caracterización genética de la cabra Majorera de Fuerteventura con microsatélites. **Arch. Zoot.** 54: 261-266. 2005.
- [2] AMILLS, M.; RAMÍREZ, O.; TOMAS, A.; BADAQUI, B.; MARMI, J.; ACOSTA, J.; SÁNCHEZ, A.; CAPOTE, J. Mitochondrial DNA diversity and origins of South and central American goats. **Anim. Genet.** 40:3 315-322. 2009.
- [3] ARANGUREN-MÉNDEZ, J.; JORDANA, J.; GÓMEZ, M. Genetic Diversity in Spanish donkey breeds using microsatellite DNA markers. **Gen. Sel. Evol.** 33(4): 337-347. 2001.
- [4] ARANGUREN-MÉNDEZ, J.; JORDANA, J.; AVELLANET, R.; TORRENS, M. Estudio de la variabilidad gené-

- tica en la raza bovina Mallorquina para propósitos de conservación. **Rev. Cientif. FCV-LUZ**. XII (5):358-366. 2002.
- [5] ARANGUREN-MÉNDEZ, J.A.; ROMÁN-BRAVO, R.; ISEA, W.; VILLASMIL, Y.; JORDANA, J. Los microsatélites (STR's), marcadores moleculares de ADN por excelencia para programas de conservación: una revisión. **Arch. Latinoam. Prod. Anim.** 13(1): 30-42. 2005.
- [6] AREVALO, E; HOLDER, D.A.; DER, J.; BHEBHE, E.; LINN, R.; RUVUNA, F.; DAVIS, S.; TAYLOR, J.F. Caprine microsatellite dinucleotide repeat polymorphisms at the SRCRSP 1, SRCRSP 2, SRCRSP 3, SRCRSP 4, and SRCRSP 5 loci. **Anim. Genet.** 75:202. 1994.
- [7] AUSUBEL, F.M.; BRENT, R.; KINGSTON, R.E.; MOORE, D.D.; SEIDMAN, G.G.; SMITH, J.A.; STRUHL, K. Current Protocols in Molecular Biology, Green Publishing Associates and Wiley-Interscience, New York. Pp 285-293. 1987.
- [8] BARENDSE, W.; ARMITAGE, S.M.; KOSSAREK, L.M.; SHALOM, A.; KIRKPATRICK, B.W.; RYAN, A.M.; CLAYTON, D.; LI, L.; NEIBERGS, H.L.; ZHANG, N.; GROSSE, W.M.; WEISS, J.; CREIGHTON, P.; MCCARTHY, F.; RON, M.; TEALE, A.J.; FRIES, R.; MCGRAW, R.A.; MOORE, S.S.; GEORGES, M.; SOLLER, M.; WOMACK, J.E.; HETZEL, D.J.S. A genetic linkage map of the bovine genome. **Nature Genet.** 6: 227-235. 1994.
- [9] BARKER, J.S.F. Conservation of livestock diversity. **Anim. Genet. Res. Inform.** 25: 33-43. 1999.
- [10] BEAUMONT, M.A.; BRUFORD, M.W. Microsatellite in conservation genetics. In: Goldstein, D.; Schötterer, C. (Eds.). **Microsatellite evolution and applications**. Oxford University Press, New York, Pp 165-182. 1999.
- [11] BISHOP, M.D.; KAPPES, S.M. A genetic linkage map for cattle. **Genet.** 136:619. 1994.
- [12] BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **Ame. J. Human Genet.** 32: 314-331. 1980.
- [13] BRUNO-DE-SOUSA, C.; MARTINEZ, A.M.; GINJA, C.; SANTOS-SILVA, F.; CAROLINO, M.I.; DELGADO, J.V.; GAMA, L.T. Genetic diversity and population structure in Portuguese goat breeds. **Livest. Sci.** 135 (2):131-139. 2010.
- [14] BUCHANAN, F.C.; GALLOWAY, S.M.; CRAWFORD, A.M. Ovine microsatellites at the OarFCB5, OarFCB19, OarFCB20, OarFCB48, OarFCB129 and OarFCB226 loci. **Anim. Genet.** 25: 60. 1994.
- [15] CALVO, S.J.; GONZÁLES, M. I.; ÁNGEL, P. A.; CERÓN-MUÑOZ, M.F.; CARDONA-CADAVID, H. Evaluación genética de la población caprina de Antioquia, usando marcadores microsatélites. **Liv. Res. Rur. Develop.** 24 (5):159-168. 2012.
- [16] CARRERA, M.P.; MARTINEZ, A.; RIBEIRO, M.; PIMENTA, E.; DELGADO, J.V. Genetic characterization of Brazilian native breeds of goats using 27 markers microsatellites. **Rev. Bras. Zoot.** 35(4): 1336-1341. 2006.
- [17] DICKSON, L.; TORRES, G.; BECERRIL, C.; GONZÁLEZ, F.; RANGEL, R.; GARCÍA, E. Evaluación productiva y reproductiva de dos grupos de cabras triple mestizas bajo condiciones de confinamiento en el trópico seco de Venezuela. **Vet. Mex.** 32(1):33-38. 2001.
- [18] DIXIT, S.P.; VERMA, N.K.; AGGARWAL, R.A.K.; VYAS, M.K.; RANA, J.; SHARMA, A. Genetic diversity and relationship among Indian goat breeds based on microsatellite markers. **Small Rum. Res.** 105: 38-45. 2012.
- [19] GEORGES, M.; MASSEY, J. Polymorphic DNA markers in Bovidae. World Intellectual Property Organization. Geneva (Patent application WO PUBL NO 92/13102). 1992.
- [20] GÓMEZ, N.C.; FERRANDO, A.; JORDANA, J. Caracterización genética de la población de cabras autóctonas de la región Apurímac de Perú. **AICA.** 1: 165-168. 2011.
- [21] HAENLEIN, G.F.W. Past, present and future perspectives of small ruminant dairy research. **J. Dairy Sci.** 84: 2097-2115. 2001.
- [22] JANN, O.C.; AERTS, J.; JONES, M.; HASTINGS, N.; LAW, A.; MCKAY, S.; MARQUES, E.; PRASAD, A.; YU, J.; MOORE, S.S.; FLORIOT, S.; MAHÉ, M.F.; EGGEN, A.; SILVERI, L.; NEGRINI, R.; MILANESI, E.; AJMONE-MARSAN, P.; VALENTINI, A.; MARCHITELLI, C.; SAVARESE, M.C.; JANITZ, M.; HERWIG, R.; HENNIG, S.; GORNI, C.; CONNOR, E.E.; SONSTEGARD, T.S.; SMITH, T.; DRÖGEMÜLLER, C.; WILLIAMS, J.L. A second generation radiation hybrid map to aid the assembly of the bovine genome sequence. **BMC Genom.** 6(7):283. 2006.
- [23] JAMIESON, A. The effectiveness of using codominant polymorphic allelic series for (1) checking pedigrees and (2) distinguishing full-sib pair members. **Anim. Genet.** 25: 37-44. 1994.
- [24] KALINOWSKI, S.T.; TAPER, M.L.; MARSHALL, T.C. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. **Molec. Ecol.** 16:1099-1006. 2007.
- [25] KEMP, S.J.; BREZINSKY, L.; TEALE, A.J. A panel of bovine, ovine and caprine polymorphic microsatellites. **Anim. Genet.** 25: 363-365. 1993.
- [26] LAND, R.B. Genetic resources requirements under favourable production marketing systems: priorities and organization. **3rd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production**. Lincoln, 07/16-22. USA. Univ. of Nebraska. Vol. XII. Pp. 486-491. 1986.

- [27] LI, M.; ZHAO, S.; BIAN, C.; WANG, H.; WEI, H.; LIU, B.; YU, M.; FANA, B.; CHEN, L.; ZHU, M.; LI, S.; XIONG, T.; LI, K. Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis. **Genet. Sel. Evol.** 34:729-744. 2002.
- [28] LUIKART, G.; BIJU-DUVAL, M.P.; ERTUGRUL, O. Power of 22 microsatellite markers in fluorescent multiplexes for parentage testing in goats (*Capra hircus*). **Anim. Genet.** 30:434. 1999.
- [29] MAIJALA, K.; CHEREKAEV, A.V.; DEVILLARD, J.M.; REKLEWSKI, Z.; ROGNONI, G.; SIMON, D.L.; STEANE, D.E. Conservation of animal genetic resources in Europe. Final report of an E.A.A.P. working party. **Livest. Prod. Sci.** 11: 3-22. 1984.
- [30] MARTÍNEZ, A.M.; DELGADO, J.V.; RODERO, A.; VEGA-PLA, J.L.; Genetic structure of the Iberian pig breed using microsatellites. **Anim. Genet.** 31, 295-301. 2000.
- [31] MARTÍNEZ, A.M.; CARRERA, M.P.; ACOSTA, J.M.; RODRÍGUEZ, P.P.; CABELLO, AM.; CAMACHO, E.; DELGADO, J.V. Análisis molecular de la cabra blanca andaluza. **Arch. de Zoot.** 53:221-224. 2004.
- [32] MELLADO, M. La cabra Criolla en América latina. **Vet. Mex.** 28:4 333-343. 1997.
- [33] MINISTERIO DEL AMBIENTE Y DE LOS RECURSOS NATURALES RENOVABLES (MARNR). Situación de los recursos zoogenéticos en la República Bolivariana de Venezuela. Eduardo González Jiménez y Francisco Bisbal (Eds). 187 pp. 2004.
- [34] MINISTERIO DEL PODER POPULAR PARA LA AGRICULTURA Y TIERRAS (MAT). VII Censo agrícola nacional. 2009.
- [35] MOMMENS, G.W.; COPPIETERS, A. Dinucleotide repeat polymorphism at the bovine MM12E6 and MM8D3 loci. **Anim. Genet.** 25:368. 1994.
- [36] MOORE, S.S.; BYRNE, K. Characterization of 65 bovine microsatellites. **Mammal. Genome.** 5:84. 1994.
- [37] PARIACOTE, F. Productividad de las razas caprinas nativa, Alpina, Nubia y sus cruces en Venezuela. **Arch. de Zoot.** 41(154): 555-562. 1992.
- [38] PATIÑO, V. M. Animales domésticos introducidos. **Plantas cultivadas y animales domésticos en América Equinoccial (Tomo V)**. Imprenta Departamental. Cali, Colombia. 382 pp. 1970.
- [39] PIETERS, A.; MARLE-KÖSTER, E.; VISSER, C.; KOTZE, A. South African developed meat type goats: A forgotten animal genetic resource? **AGRI.** 44: 33-43. 2009.
- [40] POISSANT, J.; SHAFER, A.; DAVIS, C.S.; MAINGUY, J.; HOGG, J.T.; CÔTÉ, S.D.; COLTMAN, D.W. Genome-wide cross-amplification of domestic sheep microsatellites in bighorn sheep and mountain goats. **Molec. Ecol. Res.** 9(4): 1121-1126. 2009.
- [41] QI, Y.; LUO, J.; HAN, X.F.; ZHU, Y.Z.; CHEN, C.; LIU, J.X.; SHENG, H.J. Genetic diversity and relationships of 10 Chinese goat breeds in the Middle and Western China. **Small Rum. Res.** 82: 88-93. 2009.
- [42] RODERO, A.; DELGADO, J.V.; RODERO, E. Primitive andalucian livestock and their implications in the discovery of America. **Archiv. de Zoot.** 41 (Extra): 383-400. 1992.
- [43] RODRÍGUEZ, E. Generalidades de las explotaciones de Ovinos y Caprinos. **Producción de ovinos y caprinos en Venezuela**. Editorial Agropecuaria C.A. Maracaibo. 174 pp. 1993.
- [44] SAITBEKOVA, N.; GAILLARD, C.; OBEXER-RUFF, G.; DOLF, G. Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis. **Anim. Genet.**, 30: 36-41. 1999.
- [45] SERRANO, M.; CALVO, J.H.; MARTINEZ, M.; MARCOS-CARCAVILLA, A.; CUEVAS, J.; GONZÁLEZ, C.; JURADO, J.J.; DÍEZ DE T, P. Microsatellite based genetic diversity and population structure of the endangered Spanish Guadarrama goat breed. **BMC Genet.** 10:61-67. 2009.
- [46] THIEVEN, U.; SOLINAS-TOLDO, S. Polymorphic CA microsatellites for the integration of the bovine genetic and physical map. **Mammal. Genome.** 8:52. 1997.
- [47] VAIMAN, D.; MERCIER, D.; MOAZAMI-GOUDARZI, K.; EGGEN, A.; CIAMPOLINI, R.; LÉPINGLE, A.; VELMALA, R.; KAUKINEN, J.; VARVIO, S.L.; MARTIN, P.; LEVÉZIEL, H.; GUÉRIN, G. A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. **Mammal. Genome** 5: 288-297. 1994.
- [48] VILLASMIL-ONTIVEROS, Y.; ROMÁN-BRAVO, R.; YÁÑEZ-CUÉLLAR, L.; CONTRERAS, G.; JORDANA, J.; ARANGUREN-MÉNDEZ, J. Diversidad genética de la raza Criollo Limonero utilizando Marcadores de ADN Microsatélites. **Rev. Científ. FVC-LUZ**, XVIII (4):415-423. 2008.
- [49] YANG, L.; ZHAO, S.H.; LI, K. Determination of relationships among five indigenous Chinese goat breeds with six microsatellite markers. **Anim. Genet.** 30:452. 1999.