

Estimación combinada de número alelos, heterocigosidad esperada y observada en microsatélites de bovinos mediante metaanálisis (Combined estimation of allele number, expected heterozygosity and observed in microsatellites of cattle by meta-analysis).

Guillermo E. Guevara Viera¹, Manuel E. Soria Parra², María Silvana Méndez Álvarez² y Antonio Vallecillo Maza³.

1 Escuela de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Cuenca, Av. 12 de octubre y Diego de Tapia, Cuenca, Ecuador. C.P. 010220.

2 Laboratorio de Biotecnología de la Reproducción Animal, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Cuenca, Granja Irquis, km 23, vía Cuenca–Girón-Pasaje, Parroquia Victoria del Portete, Ecuador.

3 Laboratorio de Biología Molecular, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Cuenca, Av. 12 de octubre y Diego de Tapia, Cuenca, Ecuador. C.P. 010220.

***Autor para correspondencia:** manuel.soria@ucuenca.edu.ec

Guillermo Guevara: <http://orcid.org/0000-0003-3832-9090>

Manuel Soria: <http://orcid.org/0000-0002-7648-4983>

Silvana Méndez: <http://orcid.org/0000-0001-5139-7173>

Antonio J. Vallecillo: <http://orcid.org/0000-0001-9141-0176>

Resumen

El objetivo de este trabajo fue obtener por medio del metaanálisis las estimaciones combinadas del número de alelos observadas, heterocigosidad esperada y heterocigosidad observada en estudios de microsatélites en bovinos criollos de América. Se utilizaron 34 resultados de trabajos científicos para el metaanálisis, provenientes de diferentes rebaños de bovinos criollos de 11 países de América publicados entre 2006 y 2017 y que utilizaron métodos de análisis de microsatélites y determinaron el número de alelos NA; la heterocigosidad esperada HE y la heterocigosidad observada HO. El tamaño de muestra varió entre 12 y 183 animales. Se obtuvieron las siguientes estimaciones de NAc, HEc y Hoc y sus errores estándar combinados respectivamente: $6,890 \pm 0,00157$; $0,762 \pm 0,0017$ y $0,629 \pm 0,0016$. No se encontraron diferencias

al comparar los trabajos de las regiones de Norteamérica, Centroamérica y el Caribe y Suramérica, ni tampoco cuando se compararon los trabajos de Colombia con los de Ecuador. Las estimaciones combinadas del número de alelos, la heterocigosidad esperada y la heterocigosidad observada en microsatélites estudiados en bovinos criollos de América al emplear metaanálisis permite disponer de información confiable y más resumida para facilitar las comparaciones en los estudios del tema.

Palabras claves: marcadores genéticos, revisión sistemática, criollos

Abstract

The objective of this work was to obtain through meta-analysis the combined estimates of the number of alleles observed, expected heterozygosity and heterozygosity observed in microsatellite studies in Creole cattle in the Americas. 34 results of scientific work were used for meta-analysis, from different herds of Creole cattle from 11 countries in the Americas published between 2006 and 2017 and using microsatellite analysis methods and determining the number of NA alleles; he expected heterozygosity and heterozygosity observed HO. The sample size ranged from 12 to 183 animals. The following estimates were obtained from NAc, HEc and Hoc and their combined standard errors respectively: 6,890-0.00157; 0.762 x 0.0017 and 0.629 -0.0016. No differences were found when comparing the work of the regions of North America, Central America and the Caribbean and South America, nor when the work of Colombia was compared with those of Ecuador. The combined estimates of the number of alleles, expected heterozygosity and heterozygosity observed in microsatellites studied in Creole cattle in the Americas by using meta-analysis provide confinable and more summary information to facilitate comparisons in the subject studies.

Key words: genetic markers, systemic review, Creoles

Introducción

Los resultados de los estudios de marcadores genéticos incluyen un variado número de parámetros que describen y analizan la diversidad genotípica de múltiples microsatélites y los resultados son muy variables, (Egito et al 2007; Delgado et al 2012; Mejías et al 2015; Pereira et al 2017) y en ocasiones dificultan los análisis.

El uso del metaanálisis representa una vía para sistematizar y sintetizar la información que se dispone de un tema pedagógico, sicológico, médico, genético o pedagógico. (Glass 1976; Koots y Gibson 1996; Soler-Ferrería et al 2014; Sánchez-Meca et al 2016; Botella y Zamora 2017)

El objetivo de este trabajo fue obtener por medio del metaanálisis las estimaciones combinadas del número de alelos observadas, heterocigosidad esperada y heterocigosidad observada en estudios de microsatélites en bovinos criollos de América.

Materiales y métodos

Se utilizaron 34 resultados de trabajos científicos para el metaanálisis, provenientes de diferentes rebaños de bovinos criollos de 11 países de América publicados entre 2006 y 2017 y que utilizaron métodos de análisis de microsatélites y determinaron el número de alelos NA; la heterocigosidad esperada HE y la heterocigosidad observada HO. El tamaño de muestra varió entre 12 y 183 animales. Se emplearon los resultados individuales de los 26 trabajos incluidos en el artículo de Delgado et al (2012) y de otros 8 artículos.

Con los valores de NA, HE y HO de cada trabajo seleccionado (Y_i) se realizaron gráficos de caja respectivos. Se realizaron además pruebas de Shapiro-Wilk y comparaciones entre los trabajos de tres regiones mediante análisis de varianza de efectos fijos y prueba de Kruskal-Wallis. Las regiones fueron: Norteamérica, Centroamérica y el Caribe y Suramérica. También se compararon los trabajos entre Colombia y Ecuador. Los gráficos se realizaron con SPSS ver 22 y las comparaciones se realizaron mediante el software INFOSTAT, Di Rienzo et al (2018).

La estimación combinada de NA_c , HE_c y HO_c , las cuales de forma genérica escribiremos como (Y_c) se obtuvo siguiendo el principio de las ecuaciones propuestas por Koots et al (1994), según la siguiente expresión:

$$Y_c = (\sum Y_i / (EE_i)^2) / (1 / (EE_i)^2)$$

Donde: Y_c es el valor de la estimación combinada de NA, HE y HO; Y_i es cada uno de los valores publicados de NA, HE y Ho; y EE_i es el error estándar de cada uno de los valores de NA, HE y HO, ya sea particular o calculado con los valores de cada microsatélite o el general correspondiente al trabajo de Delgado et al (2012).

El error estándar combinado (EE_c) correspondiente a NA_c , HE_c y HO_c , fue estimado siguiendo el principio de la ecuación propuesta por Koots et al (1994), donde se utilizó el EE_i correspondiente a cada Y_i , según la siguiente expresión:

$$EE_c = (1 / \sum (1 / EE_i))^{0.5}$$

Se determinaron los intervalos de confianza al 95% de confianza (IC95%), para las (Y_c).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Figura 1, se observa la distribución de los NA, la mayor variabilidad se observa en los cuartiles Q1 y Q2. Los valores en su mayoría están entre 6 y 7 alelos. No se observan valores atípicos.

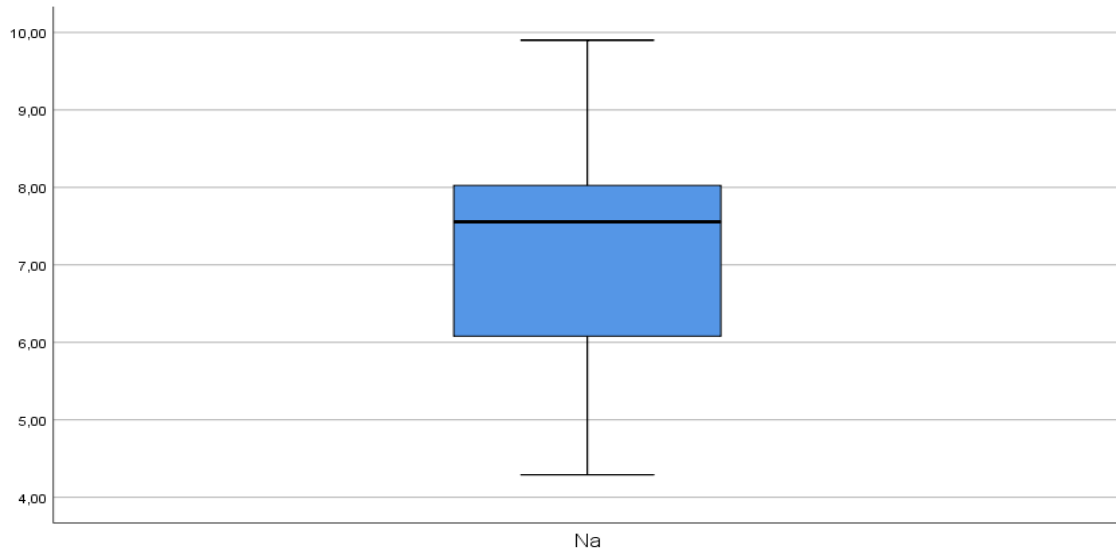


Figura 1. Distribución de los valores de la variable alelos observados NA, en los trabajos estudiados.

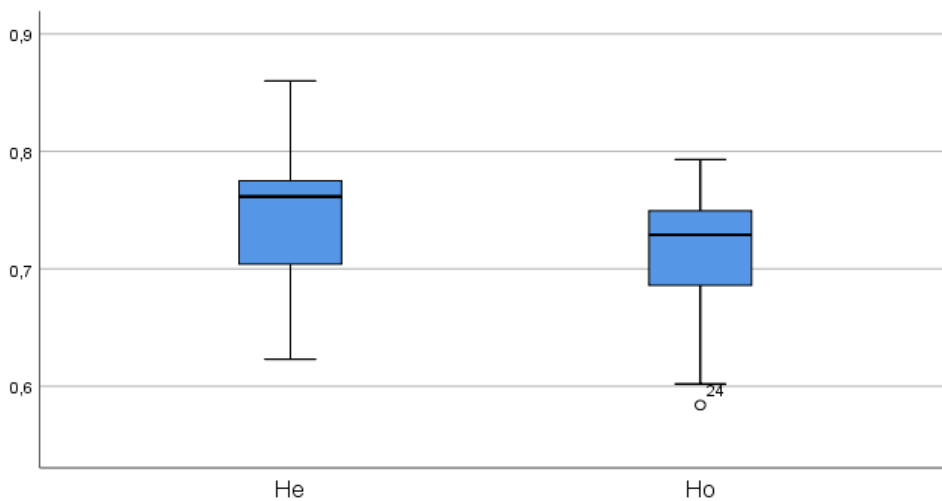


Figura 2. Distribución de los valores de las variables heterocigosidad esperada, HE y heterocigosidad observada HO, en los trabajos estudiados.

En la figura 2, se aprecia una distribución no muy variable para He, con mayor amplitud en el primer cuartil y el segundo. En la HO la variabilidad es mucho mayor. El valor discrepante se observa en la HO, pero no está cerca de 0. Y esta predomina en los cuartiles Q1 y Q2.

En la Tabla 1. se presentan los resultados estimados. La media combinada NAc es ligeramente menor que la media general de Na que fue de 7,15. El intervalo de confianza muestra la variación alta que experimenta el NA.

Tabla 1. Estimación combinada del número de alelos NAc, heterocigosidad esperada, HEc y observada, Hoc y su error estándar respectivo.

Características	Media combinada	Error estándar	IC95%
NAc	6,890	0,0157	5,11-9,07
HEc	0,762	0,0017	0,66-0,81
HOc	0,629	0,0016	0,60-0,79

La HEc superó en pocas centésimas la HE general, de 0,74. Fue en la HOc donde se halló una diferencia de valor más considerable de aproximadamente 0,1 con respecto a HO. Los intervalos de confianza para HEc y Hoc fueron amplios, como reflejo de lo que han encontrado los investigadores, pero en Hoc son más variables.

Los valores más altos para NA de 8,69 y HO de 0,82 fueron encontrados por los autores de este trabajo quizás debido al mayor número de animales muestreados en un estudio del mismo conjunto de bovinos criollos, (n=183) y los más bajos para NA y HO fueron respectivamente 4,29 y 5,89, ambos reportados en el trabajo de Armstrong et al (2006).

Las variables NA y HO se distribuyeron normalmente, pero no la HE. Los resultados de los análisis de varianza para el factor región no mostraron diferencias significativas entre los criollos del Norte, Centro y Suramérica para NA y HO. Tampoco mostraron diferencias significativas las regiones en cuanto a HE cuando se aplicó la prueba no paramétrica. El factor región presenta muy poca influencia en la variación. El origen común de estos animales predomina sobre las variaciones genéticas cuando se trata de regiones e incluso cuando se comparan subpoblaciones. (Egito et al 2007; Echeverri et al 2011; Martínez et al 2015).

Cuando se compararon los resultados estudiados solo entre Colombia y Ecuador tampoco se encontraron diferencias significativas para NA, HE y Ho, independientemente del trabajo de conservación de la diversidad realizado en el primero de estos países.

Conclusiones

Las estimaciones combinadas del número de alelos, la heterocigosidad esperada y la heterocigosidad observada en microsatélites estudiados en bovinos criollos de América al emplear metaanálisis permite disponer de información confiable y más resumida para facilitar las comparaciones en los estudios del tema.

Conflicto de Intereses: No hubo conflicto de intereses entre los autores para la realización del trabajo.

Agradecimientos

Los autores agradecen a la Dirección de Investigación de la Universidad de Cuenca, Ecuador, (Convocatoria XIV, DIUC), por el financiamiento para la

ejecución del proyecto de investigación dentro del cual se desarrolló este artículo.

Referencias Bibliográficas

Aguirre, L., L. Chalco, G. Apolo. (2014). Caracterización genética de la población bovina de la Región sur del Ecuador y su relación genética con otras razas bovinas. *Animal Genetic Resources*.54, 93–101. © Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2014 doi: 10.1017/S2078633613000313.

Armstrong, E., Postiglioni, A., Martínez, A., Rincon, G. & Vega-Pla, J.L. (2006). Microsatellite analysis of a sample of Uruguayan Creole bulls (*Bos taurus*). *Genetics and Molecular Biology* 29, 267–72.

Barrera, G.P. Martínez, R., Torrijos, R., Ramón, F. (2006). Caracterización molecular de una población de ganado Caqueteño y su relación filogenética con razas bovinas criollas colombianas. *Revista Corpoica – Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, v.7, n.1, p.33-41, 2006. Available from: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=5624760>.

Bejerano, D.G., Pedraza, A. L., Rocha, J.F.L., Martínez, R.S. (2012). Variabilidad genética en subpoblaciones comerciales de la raza criolla colombiana Romosinuano. *Revista Corpoica - Ciencia y Tecnología Agropecuaria*.13 (1):97-10.

Cevallos, O.F.F. (2017). Caracterización morfométrica y molecular del bovino criollo en la provincia de Manabí (Ecuador). 2017. Tesis doctoral en Recursos Naturales y Gestión Sostenible. Universidad de Córdoba, Córdoba – España. <<https://helvia.uco.es/xmlui/bitstream/handle/10396/14825/2017000001589.pdf?sequence=1&isAllowed=y>> Accessed: July 31, 2019.

Delgado, J.V. Martínez, A.M., Acosta, A., L. Álvarez, A., Armstrong, E., Camacho, E., Cañon, J., Cortéz, O., Dunner, S., Landi, V.R. Marques, J.R., Martín-Burrie, I., O. R. Martínez, O.R., Martínez, R.D., Melucci, L., Muñoz, J.E., Penedo, M.C.T., Postiglioni, A., Quiróz, J., Rodellar, C., P. Sponenberg, P., Uffo, O., Ulloa-Arvizu, R., Vega-Pla, J.L., Villalobos, A., Zambrano, D., Zaragoza, P., Gama, L.T. and Ginja, C. et al. (2012). Genetic characterization of Latin-American Creole cattle using microsatellite markers. *Journal Animal Genetics Immunogenetics, Molecular Genetics and Functional Genomics*, v.43, n.1, p.2-10./doi/abs/10.1111/j.1365-2052.2011.02207.x.

Di Rienzo J.A., Casanoves F., Balzarini M.G., Gonzalez L., Tablada M., Robledo C.W. InfoStat versión (2018). Centro de Transferencia InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. URL <http://www.infostat.com.ar>.

Echeverri, J. López-Herrera A., Rincón J. (2011). Genetic structure analysis of a Holstein cow population. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias, Medellín*, v.28, n.1, p.54-63, Jan/Mar 2015. Available from: <http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-06902015000100006>. Accessed: July 31, 2019.

Egito, A.A., Paiva, S.R., Albuquerque, Mdo S., Mariante A.S., Almeida L.D., Castro S.R. & Grattapaglia D. (2007). Microsatellite based genetic diversity and relationships among ten Creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. *BMC Genetics* 8, 83.

Glass, G.V.(1976). Primary, secondary, and meta-analysis of research. *Educational Researcher*, 5, 3-8. Koots K.R., Gibson, J.P., Smith C., Wilton J.W. 1994. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 1. Heritability. *Animal Breeding Abstracts*, v.62, p.309-338.

Martínez, M., B. Vargas, J.M. Cordero, I. Chacón, B. León. (2015). Diversidad genética entre subpoblaciones raciales bovinas de Costa Rica. (2015). *Agronomía Costarricense*, 39(2):33-45.

Mejías, L. G., R. A. Hernández, C. Y. Rosero, C. E. Solarte. (2015). Análisis de la diversidad genética de ganado bovino lechero del trópico alto de Nariño mediante marcadores moleculares heterólogos de tipo microsatélites, *Rev Med Vet Zoot.* 62(3):18-33.

Pereira, J.A.C., Gutiérrez, L., Siancas M., Orellana, J., Loza, A.J., Rogberg-Muñoz, A., Castillo, N.S., Posik, D.M., Giovambattista, G. (2017). Caracterización genética mediante marcadores autosómicos, mitocondriales y del cromosoma y de bovinos criollos de los valles del departamento de Santa Cruz, Bolivia. *Actas Iberoamericanas en Conservación Animal, AICA* 10: 41-50.

Sánchez-Meca, J., Alacid-de-Pascual, I., López-Pina, J.A., y Sánchez-Jiménez, J.C. (2016). Meta-análisis de generalización de la fiabilidad del inventario de obsesiones de Leyton versión para niños auto-aplicada. *Rev Esp Salud Pública.* Vol. 90:1-14.

Soler-Ferrería, F.B., Sánchez-Meca, J., López-Navarro, J.M. y Navarro-Mateu, F. (2014). Revisión sistemática y metaanálisis neuroticismo y trastorno por estrés postraumático: un estudio meta-analítico. *Rev Esp Salud Pública.* 88:1: 17-36.

Recibido: 12/Julio/2019

Aceptado: 09/Septiembre/2019