



Reseña

La genética molecular en la conservación de los recursos zoogenéticos

Molecular Genetics in the Preservation of Zoogenetic Resources

Ángel Vázquez Gil ^{1*} <https://orcid.org/0000-0002-7457-0626>

Guillermo E Guevara Viera ¹ <https://orcid.org/0000-0003-3832-9090>

¹ Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Camagüey Ignacio Agramonte Loynaz, Camagüey, Cuba.

² Escuela de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad de Cuenca, Cuenca, Ecuador.

* Autor para la correspondencia(email): angel.vazquez@reduc.edu.cu

RESUMEN

Antecedentes: Los avances en las técnicas de biología molecular, como son el descubrimiento de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) y el empleo de secuencias polimórficas del ADN mitocondrial en la región d-Loop se han utilizado para describir líneas maternas en animales, la mayoría en aves.

Objetivo. Realizar una revisión sobre las técnicas de laboratorio aplicadas a genética molecular y su importancia en la conservación de los recursos zoogenéticos.

Desarrollo: Los marcadores moleculares en especial los microsatélites, se hicieron cada vez más útiles, rentables y generalizados a medida que se perfeccionaban los protocolos y la tecnología, los métodos genéticos proporcionan información confiable para contribuir a la conservación de los recursos zoogenéticos de manera especial en circunstancias en las que las orientaciones más tradicionales son inadecuadas.

Conclusiones: El empleo de técnicas moleculares proporciona medidas objetivas de la diversidad entre y dentro de razas, permite estudiar las relaciones genéticas entre ellas, así como evidenciar atributos genéticos únicos o fenómenos de aislamiento genético en el pasado.

Palabras clave: aves, microsatélites, recursos zoogenéticos, secuenciación (*Fuente: DeCS*)

Como citar (APA)

Vázquez Gil, Ángel, & Guevara Viera, G. (2021). La genética molecular en la conservación de los recursos zoogenéticos. *Revista de Producción Animal*, 33(2). <https://revistas.reduc.edu.cu/index.php/rpa/article/view/e3878>



©El (los) autor (es), Revista de Producción Animal 2020. Este artículo se distribuye bajo los términos de la licencia internacional Attribution-NonCommercial 4.0 (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>), asumida por las colecciones de revistas científicas de acceso abierto, según lo recomendado por la Declaración de Budapest, la que puede consultarse en: Budapest Open Access Initiative's definition of Open Access.

ABSTRACT

Background: Advances in molecular biology techniques, such as PCR testing, and the use of polymorphic sequences of mitochondrial DNA in the d-Loop region, have been frequently used to describe maternal lines in animals, especially in birds.

Aim. To conduct a review of laboratory techniques applied to molecular genetics, and their importance in the preservation of zoogenetic resources.

Development: Molecular markers, especially microsatellites, became more useful and profitable, as protocols and technology were optimized; genetic methods provide reliable information that helps in the preservation of zoogenetic resources, particularly when the most traditional methods are inadequate.

Conclusions: The utilization of molecular techniques offers objective measurements of the diversity among, and inside races, which permits to study their genetic relations, and to provide evidence of unique genetic attributes or genetic isolation phenomena from the past.

Key words: birds, microsatellites, sequencing, zoogenetic resources (*Source: DeCS*)

Recibido: febrero, 2021; Aceptado: Junio, 2021

INTRODUCCIÓN

Uno de los problemas más alarmantes que se presenta hoy a nivel mundial es la extinción de especies y razas por diferentes razones, una de las más importantes es de carácter natural, ocasionada por la pérdida o disminución de la resistencia a algunas enfermedades, así como la incapacidad para adaptarse a ciertos tipos de clima. Los mismos son resultados a la pérdida de recursos genéticos ocasionados por explotaciones intensivas de producción, selección genética, especies ajenas introducidas a un nuevo hábitat, los costos tanto de criopreservación de material genético y análisis genético que ocasionan dificultad para preservarlo y realizar sus estudios respectivos (Zinovieva *et al.*, 2019; Roh *et al.*, 2020).

Gracias a los avances en las técnicas de biología molecular, como lo es el descubrimiento de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), el empleo de los marcadores moleculares microsatélites y el ADN mitocondrial (ADNmt) se logra el estudio y la medición de la variabilidad genética existente a nivel molecular en los individuos de una población. La cual se emplea para la mejora y la conservación de esas poblaciones (Toalombo, 2020); dichas técnicas nos permiten identificar individuos en una raza o especie, determinar filiación genética y parental entre individuos de alguna especie en particular, evaluar susceptibilidad a enfermedades genéticas o establecer características cualitativas (Aranguren-Méndez, Rincón-Carruyo y Bravo, 2017).

En los últimos años los científicos emplean marcadores genéticos con el fin de conocer la estructura genética. Las secuencias polimórficas del ADN mitocondrial en la región d-Loop son utilizadas para describir líneas maternas en animales, la mayoría en aves (Meydan, Pish Jang, Yilduz Ali y Weigend, 2016). La herencia del ADN mitocondrial no se transmite de forma mendeliana sino exclusivamente por vía maternal y proporciona una gran ayuda para la construcción de un árbol filogenético además de su elevada tasa de mutación la cual nos favorece para la identificación del origen y la distribución de la población (Malomane *et al.*, 2019).

Algunas de estas poblaciones poseen características que son únicas a ambientes específicos y que sufren una dilución genética o extinción, sin que puedan ser caracterizadas ni morfológica ni genéticamente. Por lo que se hace necesario evaluar animales provenientes cada vez de un mayor número de regiones agroecológicas y sistemas de producción (Dhorne-Pollet, Barrey y Pollet, 2020).

Teniendo en cuenta los elementos antes expresados nuestro objetivo es realizar una revisión sobre las técnicas de laboratorio aplicadas a genética molecular y su importancia en la conservación de los recursos zoogenéticos.

DESARROLLO

Recursos genéticos

La Organización para la Alimentación y la Agricultura de las Naciones Unidas (FAO) indica que la diversidad de los animales domésticos es un componente importante de la biodiversidad global. Más de cuarenta especies de animales domésticos y vegetales contribuyen para compensar las necesidades de alimentos a nivel mundial, ya que proveen carne, fibra, leche, huevos, pieles y estiércol. De los cuales, más de 8000 razas constituyen los recursos genéticos animales (RGA) de importancia para la alimentación y la agricultura (Miller *et al.*, 2018).

La extinción de diferentes especies tanto silvestres como domésticas causa pérdida de biodiversidad y es necesario tomar medidas para evitarla. La alimentación de la humanidad se fundamenta en aproximadamente unas treinta especies vegetales y unas catorce especies animales (aves y mamíferos), sin tener en cuenta los recursos acuícolas, se calcula que el 30% de las razas de mamíferos y aves domésticas se encuentran amenazadas (Miller *et al.*, 2018). Es necesario efectuar planes de conservación de diversidad genética y llevar a cabo una gestión sostenible de los RGA para el manejo y conservación de los recursos genéticos animales, con el fin de contribuir a la seguridad y soberanía alimentaria.

La conservación de recursos zoogenéticos

En América Latina y el Caribe (ALC), aproximadamente el 20 % de las razas existentes clasificadas se consideran en peligro. El porcentaje total de razas de aves en peligro de extinción ha pasado drásticamente del 5 % en 1995 al 45 % en 1999. Estas cifras son alarmantes y hay que llevar a cabo muchos esfuerzos para impulsar la defensa de los recursos genéticos en peligro. Se debe entender mejor esta situación aparentemente muy grave (Macrì *et al.*, 2019).

La preocupación por la conservación de la variabilidad genética comenzó con los animales silvestres, tratándose primero la conservación de las especies y posteriormente el mantenimiento de la diversidad genética dentro de cada especie. Esta preocupación dio lugar al desarrollo de zoológicos, de áreas naturales protegidas, y a la aplicación de medidas conservacionistas como las vedas, las reservas, las especies protegidas, etc. Se conoció que hasta mediados del siglo pasado no se socializó o extendió este proceso al mundo doméstico, ya que no se consideró de importancia la conciencia del peligro sobre la variabilidad genética de las especies domésticas, a nivel de raza y dentro de cada raza (Malomane *et al.*, 2019).

El abandono de medidas de protección genera en el mundo silvestre la extinción de muchas especies, y en el doméstico un proceso progresivo de homogeneización de las mismas. Con la pérdida de multitud de razas, que pudieron tener una aptitud genética especial para algunos propósitos y por diversos motivos pasan a carecer de importancia. La conservación de los recursos genéticos de los animales de granja, se refiere a todas las actividades humanas, con inclusión de las estrategias, los planes, las políticas y las medidas que se adoptan para garantizar el mantenimiento de la diversidad de dichos recursos, a fin de contribuir a la producción y a la productividad alimentaria y agrícola ahora y en el futuro. Además, que el último objetivo de la conservación es el bienestar de las personas a lo largo del tiempo y por ello el valor que se les asigna no debe limitarse exclusivamente a su peso económico del mercado, ni a su singularidad genética, sino que se debe incluir el valor social y cultural (Wiśniewska *et al.*, 2019).

En la década de los 80, el interés suscitado en torno a la conservación de las especies de animales domésticos, que incluye los recursos genéticos y ecosistemas, se pone de manifiesto con la Consulta Técnica sobre Recursos Genéticos Animales, Conservación y Manejo, organizada por FAO en Roma. Cuyo documento final sienta las bases y recomendaciones para el trabajo sobre los recursos genéticos en cada país y da lugar al “Boletín de Información sobre Recursos Genéticos Animales”, iniciado en 1983, es el fruto de esta cooperación la creación del Banco de Datos de Recursos Genéticos Animales (Malomane *et al.*, 2019).

La diversidad de animales domésticos es el conjunto de ecosistemas, especies y variedades genéticas existentes en un país, y si bien cada país posee la soberanía y la responsabilidad sobre sus propios recursos genéticos, deben ser considerados como un bien de la humanidad. Las principales causas de la pérdida de biodiversidad son la aceleración del crecimiento de la población humana, el incremento del consumo de los recursos naturales y su explotación no planificada, nace la preocupación de obtener un mejor conocimiento sobre los recursos zoogenéticos, y más aún sobre las poblaciones autóctonas de animales domésticos de cada región,

ya que su adaptabilidad y prolificidad potencia los nuevos retos de las ganaderías ecológicas y sostenibles (Wiśniewska *et al.*, 2019).

En ALC las poblaciones de razas criollas evolucionan en diferentes zonas agroecológicas en sistemas de producción con manejo tradicional debido a la percepción de que son poco productivas, están siendo paulatinamente sustituidas por genotipos exóticos, esta idea posiblemente es errónea en condiciones sanitarias y de alimentación limitadas, así como en condiciones climáticas extremas (Malomane *et al.*, 2019).

Desafortunadamente, con frecuencia los estudios que comparan a las razas criollas con exóticas sólo consideran pocas variables productivas, y no las del ciclo productivo completo de los animales como son: supervivencia, tasa reproductiva, longevidad, y más específicamente costos de mantenimiento en condiciones de producción adversas, considerando que la adaptación de los recursos zoogenéticos a determinadas condiciones agroclimáticas, de manejo y de mercado, es la base para el desarrollo de sistemas de producción sostenibles donde intervienen otros factores; particularmente importantes en ambientes adversos con grandes variaciones ambientales a través del año, como lo son la gran mayoría de los sistemas de producción en regiones tropicales o áridas de ALC. Entre los factores que determinan la adaptación de los animales están la tolerancia al calor, la habilidad para aprovechar forrajes de baja calidad, y el potencial de sobrevivir en presencia de plagas y enfermedades (Perezgrovas-Garza, 2016).

La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura denuncia con cierto grado de alarma la extinción de al menos una raza de animales domésticos cada mes, lo cual sucede de manera ininterrumpida a partir del año 2002, situación que se volverá todavía más problemática a corto plazo debido a los efectos de las modificaciones ambientales y la emergencia de nuevas enfermedades; la dilución de las razas locales a causa de cruzamientos es uno de los focos rojos señalados por la FAO, que está preocupada por esta pérdida genética que impide su estudio y la evaluación de su verdadero potencial (Macrì *et al.*, 2019).

La importancia de los recursos zoogenéticos criollos

Las principales especies pecuarias procedentes de la península Ibérica evolucionan por más de 500 años en ambientes diversos y adversos, lo que sugiere que los animales Criollos poseen genes para adaptación en frecuencias distintas a las de razas exóticas. Los animales domésticos de cría son fundamentales para la alimentación y la agricultura; a ellos se debe un alto por ciento del valor económico global del sector agrícola, unos dos mil millones de personas dependen, al menos parcialmente, de animales de cría para su mantenimiento. La producción de carne, leche y huevos deberá más que duplicarse durante los próximos 20 años para hacer frente a las necesidades alimentarias de la población mundial (Dancause Vilar, Steffy y Lum, 2011).

La producción animal es también de vital importancia, por cuanto se refiere a los alimentos y los subproductos que este ofrece, el estiércol empleado como fertilizante y combustible, a la fuerza

de tiro, o al empleo de fibras, cuero y piel para vestirse (Ayala y Carbone, 2020), las estadísticas demográficas indican que en el año 2050 la población humana en el mundo alcanzará los 9600 millones, uno de los retos más angustiosos en la actualidad (World Economic Forum, GAP Report®, 2017). Lo que de antea impone una mayor presión sobre los recursos naturales, pues habrá que incrementar la producción de alimentos con la misma o menor área agrícola, por los nuevos retos que impone la sociedad como bienestar animal, inocuidad de los productos alimenticios y reducción de contaminantes. Entre los efectos esperados del cambio climático están la aparición de plagas y enfermedades, la escasez o abundancia de agua, la cantidad y calidad de los forrajes, el estrés por calor, y la reducción de la biodiversidad (Haile, 2020); todos estos factores deberán considerarse para la conservación y uso sostenible de los recursos zoogenéticos.

Genética de la conservación

Diversidad genética

La diversidad genética (DG) entendida como la destreza genética para variar, la capacidad de poblaciones a evolucionar en respuesta tanto a los cambios medio ambientales como a cambios en los objetivos de selección. La variabilidad genética constituye la base para su evolución (Morales-González *et al.*, 2020).

La DG es uno de los tres niveles de diversidad biológica reconocidos por la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN) como merecedores de conservación (Meydan, Jang, Yıldız y Weigend, 2016). La genética de la conservación, es una disciplina que se enfoca a la preservación de la diversidad genética sujeto a fragmentación, reducción en tamaño censal y todos los factores que le puedan afectar (Kress, García-Robledo, Uriarte y Erickson, 2015). Además, se considera como una ciencia aplicada que utiliza herramientas moleculares para ayudar a resolver problemas en la conservación y el manejo de especies, es una especialidad interdisciplinaria en la que los científicos aplican el estudio de la genética junto con el trabajo de campo ecológico tradicional y otras técnicas para explorar la variación molecular, los límites de la población y las relaciones evolutivas con el objetivo proteger la biodiversidad e identificar poblaciones únicas.

Durante muchos siglos, las razas de animales fueron seleccionadas por sus características morfológicas y apariencia. La mayor parte de las especies de animales presentan gran variedad genética como consecuencia de las constantes actividades de selección (Macrì *et al.*, 2019).

Los principales métodos empleados para estudiar la genética de poblaciones son los microsatélites nucleares y el ADN mitocondrial (mt), que son marcadores que se utilizan para evaluar la diversidad genética, sistemas de apareamiento, parentesco y poblaciones genéticamente distintas para informar las decisiones de manejo. La secuenciación de ADN y

ARN de próxima generación, el ADN ambiental y la epigenética, están empezando a aplicarse a la evolución, fisiología y ecología (Dancause *et al.*, 2011).

Técnica (PCR)

Con el descubrimiento en los años 80 de la técnica de laboratorio Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), que amplifica tramos especificados de ADN a concentraciones utilizables (Lawrence *et al.*, 2019), se realizan varias investigaciones relacionadas a variación de la secuencia del ADN utilizadas tanto en humanos como en animales. En los últimos años se desarrollan y mejoran varios marcadores moleculares como el polimorfismo de nucleótidos únicos (SNP). Los SNP son cambios de una simple base en una secuencia del ADN (Liu, 2014). Los SNP presentan diferentes alternativas de secuencia (alelos) en individuos de una o varias poblaciones dadas, sin embargo, para ser considerado un SNP este debe presentar frecuencias alélicas mayores al 1% en la población (Vignal *et al.*, 2002). SNP's (Larsen y Matocq, 2019), microsatélites (Lawrence *et al.*, 2019), diseñados para investigar temas sobre caracterización y diversidad genética de poblaciones y razas de animales domésticos, éste desarrollo va de la mano con la implementación de paquetes estadísticos fáciles de usar, que brindan una mayor automatización de la secuenciación y otras herramientas asociadas con análisis genético (Lv, Edwards, Zhou y Xu, 2019).

El genoma completo de las aves se secuenció en su totalidad (Silva *et al.*, 2020), mediante marcadores SNP (Li *et al.*, 2013; Xu *et al.*, 2020) se ha determinado, que tan sólo existen 11 sitios variables en la región D-loop; cinco de los cuales ocurren entre los sitios 217 y 261 (Sweeney *et al.*, 2020); es la región óptima para la amplificación de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR).

Marcadores moleculares

Los marcadores moleculares son secuencias de ADN de localización definida en el genoma (locus específico), secuencias polimórficas insensibles al medio ambiente y de herencia conocida, estos pueden ser de dos tipos: marcadores tipo I, los que están relacionados a secuencias codificantes del genoma y, marcadores tipo II, los que se encuentran en regiones anónimas o no codificantes (Chauhan y Rajiv, 2010).

Importancia de los marcadores moleculares

Los marcadores moleculares más importantes que se usan en la actualidad para fines de investigación son los microsatélites y los polimorfismos de nucleótidos únicos (SNP).

Los marcadores moleculares, en especial los microsatélites, se hicieron cada vez más útiles, rentables y generalizados a medida que se perfeccionaban los protocolos y la tecnología, las técnicas genéticas proporcionan información confiable, de manera especial en circunstancias en las que los métodos tradicionales son inadecuados para probar hipótesis. Es necesario mencionar

que los datos genéticos serán más valiosos cuando sean combinados con información complementaria como comportamiento, demográfica, espacial, etc. (Razgour *et al.*, 2019).

Microsatélites

Los microsatélites de ADN, son marcadores moleculares localizados en regiones no codificantes de ADN, compuestos por secuencias de 1 a 6 nucleótidos repetidas en tándem entre 10 y 30 veces (Meydan, Jang, Yıldız y Weigend, 2016) que se producen en los genomas de la mayoría de los eucariotas (Rodríguez-Osorio, 2019), como las repeticiones de polidinucleótidos (por ejemplo, ACACAC ...), que se heredan de forma codominante.

El número de repeticiones varía entre los alelos, existen miles de loci de microsatélites en todos los genomas; (Islam *et al.*, 2020); sirven como herramienta genética para determinar diversidad y caracterización desde las más amplias a las más específicas del individuo, además establecer parentesco (Kinney *et al.*, 2019), estructura genética de las poblaciones (Meydan, Jang, Yıldız y Weigend, 2016) y comparaciones entre especies (Jangtarwan *et al.*, 2019) forman la base de la mayoría de los mapas genéticos, útiles para caracterizar la diversidad dentro de las poblaciones y razas de ganado (Islam *et al.*, 2020).

La variación entre los alelos de microsatélites se evalúa al medir las diferencias en la longitud de la secuencia repetida que resultan de la adición o eliminación de unidades repetidas. La alta tasa general de mutación en los loci de microsatélites da como resultado altos niveles de polimorfismo, lo que hace que estos marcadores moleculares sean ideales para los estudios de la estructura genética de la población, la relación genética, los patrones de flujo genético, la deriva genética y el tamaño de la población. Las estimaciones de heterocigosidad en los loci de los microsatélites son 10 veces más altas que la heterocigosidad detectada por electroforesis de proteínas en especies de grandes mamíferos (Wainwright, Glenk, Akaichi y Moran, 2019).

Los diferentes alelos se nombran según la nomenclatura determinada y consensuada internacionalmente por la International Society of Animal Genetics (ISAG) (ISAG, 2012). Con el genotipado se obtiene la fórmula genética de cada uno de los animales analizados.

Los microsatélites según el tipo de repetición o tándem en las secuencias según Meydan, Jang, Yıldız y Weigend (2016) se clasifican en:

- Microsatélites perfectos, las secuencias repetidas no son interrumpidas por ninguna base que no pertenezca a las mismas, como, por ejemplo: GAGAGAGAGAGA.
- Microsatélites imperfectos, existen bases entre las secuencias repetidas que no coincide con la misma, TATATATGTTATATATA.
- Microsatélites interrumpidos, se observa una pequeña secuencia que no se corresponde con las repeticiones, CGCGCGCGTAGCCG.

- Microsatélites compuestos, contienen dos secuencias distintivas adyacentes, CGCGCGCGTATATATATA.

Los microsatélites tienen tres usos principales en los estudios de domesticación:

1. Cuantificar la variación genética dentro y entre las poblaciones o razas de ganado (Razgour *et al.*, 2019).
2. Permiten conocer la mezcla genética entre poblaciones de ganado (Islam *et al.*, 2020).
3. Los datos se pueden usar para asignar individuos a grupos genéticamente similares en la población, la raza o los niveles de especies (Yang *et al.*, 2020).

Aplicaciones de los microsatélites

- ***Identificación individual y pruebas de paternidades***

El método consiste en comparar el genotipo y/o fenotipo de la descendencia con el de sus progenitores, debido a que uno de los alelos que presenta un individuo proviene del padre y el otro de la madre. Ésta combinación proporciona un 97% de probabilidad de detectar o asignar uno de los dos progenitores incorrectos y cerca del 100% de probabilidad para un cruzamiento entre individuos de otras razas (Roques *et al.*, 2019).

- ***Mapas genéticos y genómica comparativa***

Es una herramienta de utilidad que sirve para identificar genes que son de caracteres de interés; busca asociación entre varios alelos, en cualquiera de los marcadores, separa en poblaciones que presentan el carácter de interés, para identificar regiones del genoma donde es más probable que se encuentre el gen responsable de ese carácter (Sargin *et al.*, 2019).

- ***Estudios de genética poblacional***

Estima niveles de variabilidad, relaciones genéticas dentro de las poblaciones, evaluaciones de la diversidad genética y de la consanguinidad existente en poblaciones de animales domésticos en peligro de desaparecer; además que se utiliza para el estudio de filogenia (Tabatabaei, Fard, Hashemi y Dianatpour, 2020). Estudia distancias genéticas entre poblaciones o entre individuos y estructura de la población.

Factores que intervienen y disminuyen la sensibilidad de los marcadores

Mutación: Son variaciones del material genético, que contienen desde simples sustituciones de un solo nucleótido hasta las deleciones o inserciones de uno o más nucleótidos. Por lo general las mutaciones en animales no son observables en el fenotipo, ya que, ocurren en regiones no codificantes (mutaciones silentes). Las regiones o secuencias codificantes exponen una baja tasa

de mutación que se ve reflejada en la reducida variabilidad existente dentro de especies y el alto grado de conservación que presentan estas regiones entre especies (Nomura *et al.*, 2018).

Alelos nulos: Son aquellos que no pueden ser amplificados por PCR, debido a una mutación en el punto de hibridación del iniciador. Uno de los alelos no amplifica y por lo tanto el individuo es descrito como homocigoto para el otro alelo. Es difícil de detectar cuando su frecuencia en la población es baja y cuando no se dispone de información genealógica fiable. Otra manera para detectar la presencia de alelos nulos sería a partir del cálculo del déficit de heterocigotos para el equilibrio Hardy Weinberg (Larsen y Matocq, 2019).

Homoplasia: Es el hecho de que un mismo carácter, presente en dos especies, no siempre deriva del mismo carácter ancestral. Dos alelos son homoplásicos cuando poseen un estado idéntico, aunque no sea por descendencia (Miller *et al.*, 2018); así también cuando tienen el mismo tamaño (pb) pero no es debido a que sean idénticos. Se toma como iguales por tener el mismo tamaño, pero intrínsecamente existen claras diferencias en cuanto a su estructura, presencia de inserciones y/o deleciones, cambios de bases o variaciones en la región flanqueante.

Estos factores incrementan las probabilidades de error en los estudios genéticos. Son patrón de mutación, los alelos nulos y la homoplasia.

Como técnica molecular

La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) en colaboración con la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG), formuló directrices para realizar análisis de caracterización genética molecular, mediante la implementación de “medición de la diversidad animal doméstica” (MoDAD), en la que se puso a disposición paneles de marcadores microsatélite para nueve especies ganaderas comunes (Miller *et al.*, 2018).

Aplicación de los microsatélites para la conservación de los recursos zoogenéticos

La tendencia a la producción intensiva de carne y huevos de gallina, para la seguridad alimentaria, es uno de los factores principales en la selección de razas para la formación de líneas altamente productivas, y por ende introducirlas a nivel mundial, como consecuencia una reducción de la diversidad genética. La producción avícola actual, la cual incluye pollos de campo, líneas comerciales y experimentales, toma un giro en cuanto a la cría en extensivo que asegure características organolépticas criollas, y bienestar animal aplicado a una ganadería ecológica que se adapte a las zonas en las cuáles se desarrolle cada explotación (Francesch, 2011).

La adaptabilidad agroecológica sería una de las causas para dar la importancia adecuada a los recursos zoogenéticos de cada localidad, ya que son una fuente de variabilidad genética. En éste punto focal y como herramienta para ejecutar dicho objetivo, se plantea el uso de marcadores moleculares como microsatélites, que evidencian las diferencias en frecuencias alélicas entre

poblaciones. Como aplicación en aves se pueden citar, los trabajos realizados por Bariloche (2018) y Vargas (2020) y las estrategias de conservación diseñadas por la FAO.

Por lo general los estudios se inician con caracterización genética que incluye la recopilación de datos sobre el tamaño y la estructura de la población, distribución geográfica, sistemas de producción en los que se encuentra la raza, atributos faneropticos (características físicas, niveles de rendimiento y cualquier característica que se torne importante a nivel de producción), el desarrollo histórico de la raza cruzamiento y selección (Francesch, 2011).

También mediante polimorfismos bioquímicos y marcadores moleculares principalmente microsatélites para analizar la variabilidad genética ya sea dentro o entre poblaciones y; obtener valores medios de consanguinidad, pruebas de paternidad e identificar individuos heterocigotos, además permiten cuantificar la relación entre las poblaciones y detectar introgresiones (Mathema, Dondorp y Imwong, 2019).

Es importante diferenciar que la información genética que se obtiene es:

- Razas estandarizadas
- Líneas experimentales que vienen a ser comerciales
- Aves criollas de cada sitio

Los marcadores moleculares contribuyen a definir la identidad de la raza, asignar individuos a su población de origen. Todos los resultados que se obtienen proporcionan información completa de la variabilidad genómica y la estructura de la población de aves domésticas. Con la limitante de que no permite predecir el rendimiento productivo y que el monitoreo de los recursos genéticos de las aves de corral no siempre es una prioridad para ciertos países.

ADN Mitocondrial

Las mitocondrias son organelos intracelulares que se encuentran en el citoplasma celular. Es una molécula circular covalentemente cerrada de tamaño pequeño (16-20 kb), conformada por un total de 37 genes (13 ARN mensajeros, 2 ARN ribosomales, 22 ARN de transferencia); y una región conocida como la región control (1 Kb) o D-loop que controla la replicación y transcripción en la molécula, tiene una tasa excepcionalmente alta de sustitución y de polimorfismos en muchos taxones (Serna-Lagunes *et al.*, 2015).

El ADN mitocondrial (ADNmt) tiene una serie de particularidades con respecto al ADN nuclear: sus genes no poseen intrones, las dos cadenas de ADN se denominan ligeras (L) y pesadas (H) siendo una rica en purinas y otra en pirimidinas, su herencia es exclusivamente vía materna, sin recombinación. El ADNm de los vertebrados es un ADN de doble cadena y bucle cerrado, que puede autorreplicarse y una herencia matrilineal (Yan y Chen, 2020).

La utilización de genética molecular permite estimar un grado de aislamiento entre una población o grupo de poblaciones que admite un acceso más directo para el conocimiento de su legado evolutivo y la diferenciación intraespecífica heredable (Meydan, Jang, Yıldız y Weigend, 2016). Dentro de sus características se puede mencionar que es de evolución rápida, estructura molecular simple, alta tasa de sustitución nucleotídica, presenta herencia clonal matrilineal (herencia es exclusivamente vía materna), ausencia de recombinación, no es específico de tejidos y presenta una alta correspondencia en mamíferos y la mayoría de los otros vertebrados (Sargin *et al.*, 2020).

El ADNmt es uno de los marcadores más utilizados para estudios de domesticación y relaciones filogenéticas; por sus características y funciones específicas, se conserva evolutivamente lo suficiente para permitir la identificación de la población ancestral que da origen a la población en estudio y distribución de los animales domésticos, es variable y está estructurado geográficamente, lo cual permite la localización aproximada del sitio de domesticación, evoluciona rápidamente a una tasa constante (Raza *et al.*, 2019). Una de las aplicaciones es conocer la historia de la domesticación animal del ganado (Colli *et al.*, 2015), perros, equinos y porcinos (Elad *et al.*, 2020). Además, cobra un papel preponderante en estudios de genética intraespecífica de especies con prioridades de manejo y conservación (Sargin *et al.*, 2020).

Los estudios de ADNm en aves se basan en secuencias de la región de control (parcial) (CR; D-loop: posición de nucleótidos 1–1232; NC_007235 (Nishibori, Shimogiri, Hayashi y Yasue, 2005).

En cada una de las razas de aves; el genoma mitocondrial presenta diferencias, de las cuales, algunas de ellas recién han completado sus secuencias. Chang y Larracunte, 2019, fueron los primeros en clonar y secuenciar el genoma mitocondrial de las aves de raza Leghorn con una longitud de 16.775 pb. (Bao *et al.*, 2008) secuenciaron ADN mitocondrial (ADNmt) de aves Shouguang y Silky, que consisten en 16 784 pb y 16 785 pb de longitud, respectivamente, además del genoma mitocondrial de aves tibetanas que varía de 16 784 pb a 16 786 pb. (Yan *et al.*, 2020) indicaron que la longitud total del genoma mitocondrial de aves Daweishan Mini era de 16 785 pb, (Xie *et al.*, 2016) secuenciaron el genoma mitocondrial de aves Cenxi con una longitud de 16 786 pb (Avadanei, Giusca, Negura y Caruntu, 2018).

El ADN mitocondrial y su región D-Loop en el pollo doméstico, poseen mayor tasa de evolución en comparación con el ADN genómico, menor dificultad para su obtención; por lo que varias poblaciones locales de aves se evalúan e identifican sus orígenes geográficos (Meydan, Jang, Yıldız y Weigend, 2016; Malomane *et al.*, 2019; Islam, Osman y Nishibori, 2019); de los cuales existen dos hipótesis diferentes. La primera fue el origen monofilético en el que una subespecie de aves de la selva roja (JF) (*G. g. Gallus*) fue el principal progenitor de todas las aves domésticas, cuyo evento de domesticación sería el sudeste asiático (Meydan, Jang, Yıldız y Weigend, 2016). La segunda sería el origen múltiple en el que las aves pudieron ser domesticadas

desde múltiples sitios geográficos de origen en el sur y sudeste de Asia, lo que favorece los orígenes polifiléticos (Islam, Osman y Nishibori, 2019).

CONCLUSIONES

El empleo de técnicas moleculares proporciona medidas objetivas de la diversidad entre y dentro de razas, permite estudiar las relaciones genéticas entre ellas, así como evidenciar atributos genéticos únicos o fenómenos de aislamiento genético en el pasado.

REFERENCIAS

- Aguilar Toledo, M. R., & Chicaiza Asimbaya, K. M. (2020). *Caracterizar el sistema de tenencia de las gallinas (*Gallus gallus domesticus*) de traspatio en el cantón Mejía de la provincia de Pichincha* (Bachelor's thesis, Ecuador: Latacunga: Universidad Técnica de Cotopaxi (UTC). <http://repositorio.utc.edu.ec/handle/27000/6711>
- Aranguren-Méndez, J. A., Rincón-Carruyo, X., & Bravo, R. R. (2017). Aplicación de la Genética Molecular en la Producción Animal. *Revista Ecuatoriana de Ciencia Animal*, 1(1), 1-13. <http://revistaecuadorianadecienciaanimal.com/index.php/RECA/article/view/14>
- Avadanei, E. R., Giusca, S. E., Negura, L., & Caruntu, I. D. (2018). Single nucleotide polymorphisms of XRCC3 gene in hepatocellular carcinoma—relationship with clinicopathological features. *Polish Journal of Pathology*, 69(1), 73-81. DOI: <https://doi.org/10.5114/pjp.2018.75340>
- Ayala, M., & Carbone, C. (2020). II Jornada de Bienestar Animal, Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP. 13 de septiembre de 2019. *Analecta Veterinaria*, 45-45.
- Bao, H., Zhao, C., Zhang, L., Li, J., & Wu, C. (2008). Single-nucleotide polymorphisms of mitochondrially coded subunit genes of cytochrome c oxidase in five chicken breeds: Full-Length Research Paper. *DNA Sequence*, 19(5), 461-464. <https://doi.org/10.1080/19401730802449212>
- Bariloche, E. E. A. (2018). Curso de post-grado 2018 Genética Forestal: “Gestión y manejo de los recursos genéticos forestales nativos” (Doctoral dissertation, Universidad Nacional de La Plata).

- Berberich, A. J., & Hegele, R. A. (2019). The complex molecular genetics of familial hypercholesterolaemia. *Nature reviews Cardiology*, 16(1), 9-20. <https://www.nature.com/articles/s41569-018-0052-6>
- Chukwu, S. C., Rafii, M. Y., Ramlee, S. I., Ismail, S. I., Oladosu, Y., Okporie, E., ... & Jalloh, M. (2019). Marker-assisted selection and gene pyramiding for resistance to bacterial leaf blight disease of rice (*Oryza sativa* L.). *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 33(1), 440-455. <https://doi.org/10.1080/13102818.2019.1584054>
- Chauhan, T., & Rajiv, K. (2010). Molecular markers and their applications in fisheries and aquaculture. *Advances in Bioscience and Biotechnology*.1:281-291
- Colli, L., Lancioni, H., Cardinali, I., Olivieri, A., Capodiferro, M. R., Pellecchia, M., ... & Vahidi, S. M. F. (2015). Whole mitochondrial genomes unveil the impact of domestication on goat matrilineal variability. *BMC genomics*, 16(1), 1115. <https://link.springer.com/article/10.1186/s12864-015-2342-2>
- Dancause, K. N., Vilar, M. G., Steffy, R., & Lum, J. K. (2011). Characterizing genetic diversity of contemporary pacific chickens using mitochondrial DNA analyses. *PLoS One*, 6(2), e16843. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0016843>
- Dhorne-Pollet, S., Barrey, E., & Pollet, N. (2020). A new method for long-read sequencing of animal mitochondrial genomes: application to the identification of equine mitochondrial DNA variants. *BMC genomics*, 21(1), 1-15. <https://bmcgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-020-07183-9>
- Elad, O., Uribe-Diaz, S., Losada-Medina, D., Yitbarek, A., Sharif, S., & Rodriguez-Lecompte, J. C. (2020). Epigenetic effect of folic acid (FA) on the gene proximal promoter area and mRNA expression of chicken B cell as antigen presenting cells. *British Poultry Science*, 1-9. <https://doi.org/10.1080/00071668.2020.1799332>
- Francesch, Villalba, I., & Cartaña, M. (2011). Methodology for morphological characterization of chicken and its application to compare Penedesenca and Empordanesa breeds. *Animal Genetic Resources*, 48, 79-84. DOI:[10.1017/S2078633610000950](https://doi.org/10.1017/S2078633610000950)
- Haile, W. A. (2020). Impact of climate change on animal production and expansion of animal disease: a review on Ethiopia perspective. *Am. J. Pure Appl. Sci*, 2(3), 64-76. <https://doi.org/10.34104/ajpab.020.064076>
- Islam, M. A., Osman, S. A. M., & Nishibori, M. (2019). Genetic diversity of Bangladeshi native chickens based on complete sequence of mitochondrial DNA D-loop region. *British Poultry Science*, 60(6), 628-637. <https://doi.org/10.1080/00071668.2019.1655708>

- Islam, M. R., Zhang, Y., Li, Z. Z., Liu, H., Chen, J. M., & Yang, X. Y. (2020). Genetic diversity, population structure, and historical gene flow of *Nelumbo lutea* in USA using microsatellite markers. *Aquatic Botany*, *160*, 103162. <https://doi.org/10.1016/j.aquabot.2019.103162>
- Jangtarwan, K., Koomgun, T., Prasongmaneerut, T., Thongchum, R., Singchat, W., Tawichasri, P., ... & Baicharoen, S. (2019). Take one step backward to move forward: Assessment of genetic diversity and population structure of captive Asian woolly-necked storks (*Ciconia episcopus*). *PloS one*, *14*(10), e0223726. <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0223726>
- Kinney, N., Titus-Glover, K., Wren, J. D., Varghese, R. T., Michalak, P., Liao, H., ... & Garner, H. R. (2019). CAGm: a repository of germline microsatellite variations in the 1000 genomes project. *Nucleic acids research*, *47*(D1), D39-D45. <https://doi.org/10.1093/nar/gky969>
- Kress, W. J., García-Robledo, C., Uriarte, M., & Erickson, D. L. (2015). DNA barcodes for ecology, evolution, and conservation. *Trends in ecology & evolution*, *30*(1), 25-35. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2014.10.008>
- Larsen, P. A., & Matocq, M. D. (2019). Emerging genomic applications in mammalian ecology, evolution, and conservation. *Journal of Mammalogy*, *100*(3), 786-801. <https://doi.org/10.1093/jmammal/gyy184>
- Lawrence, E. R., Benavente, J. N., Matte, J. M., Marin, K., Wells, Z. R., Bernos, T. A., ... & Fraser, D. J. (2019). Geo-referenced population-specific microsatellite data across American continents, the MacroPopGen Database. *Scientific data*, *6*(1), 1-9. <https://www.nature.com/articles/s41597-019-0024-7>
- Li, Q., He, X., Ren, Y., Xiong, C., Jin, X., Peng, L., & Huang, W. (2020). Comparative mitogenome analysis reveals mitochondrial genome differentiation in ectomycorrhizal and asymbiotic *Amanita* species. *Frontiers in Microbiology*, *11*, 1382. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01382>
- Li, Y., Ren, Z., Shedlock, A. M., Wu, J., Sang, L., Tersing, T., ... & Zhong, Y. (2013). High altitude adaptation of the schizothoracine fishes (Cyprinidae) revealed by the mitochondrial genome analyses. *Gene*, *517*(2), 169-178. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2012.12.096>
- Lv, Y., Edwards, H., Zhou, J., & Xu, P. (2019). Combining 26s rDNA and the Cre-loxP system for iterative gene integration and efficient marker curation in *Yarrowia lipolytica*. *ACS synthetic biology*, *8*(3), 568-576. <https://doi.org/10.1021/acssynbio.8b00535>

- Macri, M., Martínez, A. M., Landi, V., Canales, A., Arando, A., Delgado, J. V., & Camacho, M. E. (2019). Diversidad genética de la raza gallina utrerana. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal AICA*, 13, 52-59. https://www.researchgate.net/profile/Martina_Macri/publication/336170786_GENETIC_DIVERSITY_OF_UTRERANA_CHICKEN_BREED/links/5d936b1992851c33e94db849/GENETIC-DIVERSITY-OF-UTRERANA-CHICKEN-BREED.pdf
- Malomane, D. K., Simianer, H., Weigend, A., Reimer, C., Schmitt, A. O., & Weigend, S. (2019). The SYNBREED chicken diversity panel: a global resource to assess chicken diversity at high genomic resolution. *BMC genomics*, 20(1), 345. <https://link.springer.com/article/10.1186/s12864-019-5727-9>
- Mathema, V. B., Dondorp, A. M., & Imwong, M. (2019). OSTRFPD: Multifunctional tool for genome-wide short tandem repeat analysis for DNA, transcripts, and amino acid sequences with integrated primer designer. *Evolutionary Bioinformatics*, 15. <https://doi.org/10.1177/1176934319843130>
- Meydan, H., Jang, C. P., Yıldız, M. A., & Weigend, S. (2016). Maternal origin of Turkish and Iranian native chickens inferred from mitochondrial DNA D-loop sequences. *Asian-Australasian journal of animal sciences*, 29(11), 1547. <https://misuse.ncbi.nlm.nih.gov/error/abuse.shtml>
- Miller, J. M., Quinzin, M. C., Scheibe, E. H., Ciofi, C., Villalva, F., Tapia, W., & Caccone, A. (2018). Genetic pedigree analysis of the pilot breeding program for the rediscovered Galapagos giant tortoise from Floreana Island. *Journal of Heredity*, 109(6), 620-630. <https://doi.org/10.1093/jhered/esy010>
- Morales-González, E., Saura, M., Fernández, A., Fernández, J., Pong-Wong, R., Cabaleiro, S., ... & Villanueva, B. (2020). Evaluating different genomic coancestry matrices for managing genetic variability in turbot. *Aquaculture*, 520, 734985. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2020.734985>
- Nishibori, M., Shimogiri, T., Hayashi, T., & Yasue, H. (2005). Molecular evidence for hybridization of species in the genus Gallus except for Gallus varius. *Animal genetics*, 36(5), 367-375. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2005.01318.x>
- Nomura, Y., Roston, D., Montemayor, E. J., Cui, Q., & Butcher, S. E. (2018). Structural and mechanistic basis for preferential deadenylation of U6 snRNA by Usb1. *Nucleic acids research*, 46(21), 11488-11501. <https://doi.org/10.1093/nar/gky812>
- Perezgrovas-Garza, R. (2016). Acercamiento a la diversidad de animales domésticos localmente adaptados en las montañas de Chiapas. *QueHacer Científico en Chiapas*, 11(1), 3-12.

- Raza, S. H. A., Khan, R., Abdelnour, S. A., El-Hack, A., Mohamed, E., Khafaga, A. F., ... & Zan, L. (2019). Advances of molecular markers and their application for body variables and carcass traits in Qinchuan cattle. *Genes*, 10(9), 717. <https://www.mdpi.com/2073-4425/10/9/717>
- Razgour, O., Forester, B., Taggart, J. B., Bekaert, M., Juste, J., Ibáñez, C., ... & Manel, S. (2019). Considering adaptive genetic variation in climate change vulnerability assessment reduces species range loss projections. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(21), 10418-10423. <https://doi.org/10.1073/pnas.1820663116>
- Rodríguez-Osorio, N. (2019). Genómica y bioinformática: sus aplicaciones en salud y producción animal. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 32, 14-21. <https://revistas.udea.edu.co/index.php/rccp/article/download/340327/20795092>
- Roh, H. J., Kim, S. C., Cho, C. Y., Lee, J., Jeon, D., Kim, D. K., ... & Batsaikhan, S. (2020). Estimating genetic diversity and population structure of 22 chicken breeds in Asia using microsatellite markers. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*. DOI: <https://doi.org/10.5713/ajas.19.0958>
- Roques, S., Chancerel, E., Boury, C., Pierre, M., & Acolas, M. L. (2019). From microsatellites to single nucleotide polymorphisms for the genetic monitoring of a critically endangered sturgeon. *Ecology and evolution*, 9(12), 7017-7029. <https://doi.org/10.5061/dryad.t9v70p3>
- Sargin, D., Chottekalapanda, R. U., Perit, K. E., Yao, V., Chu, D., Sparks, D. W., ... & Greengard, P. (2020). Mapping the physiological and molecular markers of stress and SSRI antidepressant treatment in S100a10 corticostriatal neurons. *Molecular psychiatry*, 25(5), 1112-1129. <https://www.nature.com/articles/s41380-019-0473-6>
- Serna-Lagunes, R., Clemente-Sánchez, F., Cortez-Romero, C., Becerril-Pérez, C. M., Ramírez-Herrera, C., & Salazar-Ortiz, J. (2015). La filogeografía aplicada en la conservación de fauna silvestre: revisión y resultados. *Agroproductividad*, 8(5). <https://biblat.unam.mx/es/revista/agroproductividad/articulo/la-filogeografia-aplicada-en-la-conservacion-de-fauna-silvestre-revision-y-resultados>
- Silva, N. C. D., Santos, R. C., Zucca, R., Geisenhoff, L. O., Cesca, R. S., & Lovatto, J. (2020). Enthalpy thematic map interpolated with spline method for management of broiler chicken production. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, 24(7), 431-436. https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S141543662020000700431&script=sci_arttext
- Sweeney, B. A., Petrov, A. I., Ribas, C. E., Finn, R. D., Bateman, A., Szymanski, M., ... & Gutell, R. R. (2020). RNACentral 2021: secondary structure integration, improved sequence search and new member databases. *Nucleic Acids Research*. <https://doi.org/10.1093/nar/gkaa921>

- Tabatabaei, Z., Fard, M. A. F., Hashemi, S. B., & Dianatpour, M. (2020). Identification of novel microsatellite markers flanking GJB2 gene in order to use in preimplantation genetic diagnosis of hearing loss: A comparison of whole-genome amplification and semi-nested PCR. *European journal of medical genetics*, 63(4), 103796. <https://doi.org/10.1016/j.ejmg.2019.103796>
- Toalombo Vargas, P. A. (2020). Caracterización morfológica, productiva y genética de la gallina criolla del Ecuador. <https://helvia.uco.es/handle/10396/19648>
- Vargas, P. A. T. (2020). *Caracterización morfológica, productiva y genética de la gallina criolla del ecuador* (Doctoral dissertation, Universidad de Córdoba). <https://dialnet.unirioja.es/servlet/tesis?codigo=265106>
- Wainwright, W., Glenk, K., Akaichi, F., & Moran, D. (2019). Conservation contracts for supplying Farm Animal Genetic Resources (FAnGR) conservation services in Romania. *Livestock Science*, 224, 1-9. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2019.03.016>
- Wang, J., Li, Y. L., Li, Y., Chen, H. H., Zeng, Y. J., Shen, J. M., & Wang, Y. Y. (2019). Morphology, molecular genetics, and acoustics reveal two new species of the genus *Leptobranchella* from northwestern Guizhou Province, China (Anura, Megophryidae). *ZooKeys*, 848, 119. DOI: [10.3897/zookeys.848.29181](https://doi.org/10.3897/zookeys.848.29181)
- Wiśniewska, H., Majka, M., Kwiatek, M., Gawłowska, M., Surma, M., Adamski, T., ... & Belter, J. (2019). Production of wheat-doubled haploids resistant to eyespot supported by marker-assisted selection. *Electronic Journal of Biotechnology*, 37, 11-17. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0717345818300423>
- World Economic Forum (GAP Report®). (2017). The global gender gap report. Geneva: World Economic Forum. <http://hdl.voced.edu.au/10707/349201>
- Xu, Y., Li, Z., Zhang, S., Zhang, H., & Teng, X. (2020). miR-187-5p/apaf-1 axis was involved in oxidative stress-mediated apoptosis caused by ammonia via mitochondrial pathway in chicken livers. *Toxicology and Applied Pharmacology*, 388, 114869. <https://doi.org/10.1016/j.taap.2019.114869>
- Yan, L., & Chen, Y. G. (2020). One Ring to Rule Them All: Mitochondrial Circular RNAs Control Mitochondrial Function. *Cell*, 183(1), 11-13. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2020.09.028>
- Yang, M., Abdalrahman, H., Sonia, U., Mohammed, A. I., Vestine, U., Wang, M., ... & Toughani, M. (2020). The application of DNA molecular markers in the study of Codonopsis species genetic variation, a review. *Cell Mol Biol (Noisy le Grand)*, 66(2). DOI: <https://dx.doi.org/10.14715/cmb/2020.66.2.3>

Vázquez Gil, A., Guevara Viera, G.E.

Yang, S., Huo, Y., Wang, H., Ji, J., Chen, W., & Huang, Y. (2020). The spatio-temporal features of chicken mitochondrial ND2 gene heteroplasmy and the effects of nutrition factors on this gene. *Scientific reports*, 10(1), 1-9. <https://www.nature.com/articles/s41598-020-59703-y>

Zinovieva, N. A., Sermyagin, A. A., Dotsev, A. V., Boronetslaya, O. I., Petrikeeveva, L. V., Abdelmanova, A. S., & Brem, G. (2019). Animal genetic resources: Developing the research of allele pool of Russian cattle breeds-Minireview. *Agric. Biol*, 54, 631-641. DOI: [10.15389/agrobiology.2019.4.631eng](https://doi.org/10.15389/agrobiology.2019.4.631eng)

CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

La participación de los autores fue la siguiente: Concepción y diseño de la investigación: AVG, GEGV; análisis e interpretación de los datos: AVG, GEGV; redacción del artículo: AVG, GEGV.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran que no existen conflicto de intereses.