

**UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA**

**FACULTAD DE VETERINARIA**

**EVALUACIÓN DE MICROSATÉLITES UTILIZADOS PARA VERIFICACIÓN DE  
PARENTESCO EN 15 RAZAS BOVINAS EN URUGUAY**

“por”

Carolina BIANCO YOUNG

TESIS DE GRADO presentada como uno de  
los requisitos para obtener el título de Doctor  
en Ciencias Veterinarias

Orientación: Producción animal

Modalidad: Estudio de caso

MONTEVIDEO

URUGUAY

2017

## PÁGINA DE APROBACIÓN

Tesis de grado aprobada por:

Presidente de mesa:

---

Dra. Eileen Armstrong

Segundo miembro (Tutor):

---

Ing. Agr. Elly Navajas

Tercer miembro:

---

D.M.V. Rody Artigas

Cuarto miembro

---

D.M.V. Fernando Macedo

Quinto miembro

---

Lic. Pablo Peraza

Fecha:

---

19/12/2017

Autores:

---

Carolina Bianco Young

## **AGRADECIMIENTOS**

Quiero brindar mi agradecimiento a mi tutora Ing. Agr. Elly Navajas PhD y cotutores D.M.V Fernando Macedo y Lic. Pablo Peraza, por su confianza dedicación y apoyo en la realización de este trabajo.

También quiero agradecer a mi amiga y compañera de trabajo Sofía Stareczkec por su colaboración en el procesamiento de los datos. Y a la Asociación Rural por brindarme la información para realizar este trabajo.

A mi familia, por su acompañamiento y apoyo durante toda la carrera.

<b>TABLA DE CONTENIDO</b>	<b>Página</b>
PAGINA DE APROBACIÓN.....	2
AGRADECIMIENTOS.....	3
ÍNDICE DE ABREVIACIONES.....	5
LISTA DE TABLAS.....	6
RESUMEN.....	7
SUMMARY.....	9
REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA.....	11
La ganadería y el mejoramiento genético en Uruguay.....	11
Errores en los registros de pedigree y su impacto en las evaluaciones genéticas.....	12
Verificación de parentesco en bovinos.....	13
Secuencias microsatélites (Short Tandem Repeat – STR).....	14
Variantes de secuencia simples (Single Nucleotide Polymorphism - SNP)...	16
Información aportada por los marcadores moleculares.....	17
Evaluación de STR para paternidad en diferentes poblaciones bovinas.....	18
OBJETIVOS GENERAL Y ESPECÍFICOS.....	22
Objetivo General.....	22
Objetivos Específicos.....	22
MATERIALES Y METODOS.....	23
Base de datos utilizada.....	23
Análisis de datos de genotipados por STR.....	24
RESULTADOS.....	27
Parámetros determinados para la evaluación del Panel 1.....	27
Parámetros determinados para la evaluación del Panel 2.....	36
DISCUSIÓN.....	40
CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS.....	44
BIBLIOGRAFÍA.....	45
ANEXO 1 Frecuencias alélicas.....	51
ANEXO 2 Análisis sin genotipo de baja frecuencia.....	88

## ÍNDICE DE ABREVIACIONES

ADN: ácido desoxirribonucleico  
ARU: Asociación Rural del Uruguay  
DEP: Diferencia Esperada en la Progenie  
FAO: Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura  
F<sub>p</sub>: Frecuencia Alélica Promedio  
F<sub>max</sub>: Frecuencia Alélica Máxima  
F<sub>min</sub>: Frecuencia Alélica Mínima  
H<sub>e</sub>: Heterocigocidad Esperada  
H<sub>o</sub>: Heterocigocidad Observada  
IA: Inseminación Artificial  
INIA: Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria  
ISAG: International Society of Animal Genetics (Sociedad Internacional de Genética Animal)  
PCR: Polymerase Chain Reaction (Reacción en cadena de la Polimerasa)  
PE: Probabilidad de Exclusión  
PEC: Probabilidad de Exclusión Combinada  
PIB: Producto Interno Bruto  
PIC: Polymorphic Index Content (Contenido del Índice Polimórfico)  
SNP: Single Nucleotide Polymorphism (Polimorfismo de Nucleótido Simple)  
STR: Short Tandem Repeat

<b>Tabla 1:</b> Descripción de los 12 marcadores STR recomendados por la ISAG para chequeos de paternidad en bovinos.....	15
<b>Tabla 2:</b> Parámetros de información de los microsátélites en diferentes poblaciones Hereford y Aberdeen Angus.	19
<b>Tabla 3:</b> Número de alelos por locus, Heterocigosidad observada ( $H_o$ ), esperada ( $H_e$ ), contenido de información polimórfica (PIC), probabilidad de exclusión (PE), y probabilidad de exclusión combinada (PEC), para los marcadores recomendados por la ISAG para chequeos de paternidad en bovinos, en diferentes poblaciones de raza Holando.	20
<b>Tabla 4:</b> Cantidad de genotipos analizados por raza.	24
<b>Tabla 5:</b> Frecuencias alélicas promedio ( $F_p$ ), máximas ( $F_{ma}$ ) y mínimas ( $F_{mi}$ ) para los marcadores del panel 1 en las diferentes razas analizadas.	27
<b>Tabla 6:</b> Número de alelos por locus ( $n^\circ$ alelos), Heterocigosidad observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ) y contenido de información polimórfica (PIC) para los marcadores del panel 1 en las diferentes razas	32
<b>Tabla 7:</b> Probabilidad de exclusión individual ( $PE_{1p}$ , $PE_{2p}$ , $PE_{pp}$ ) y combinada ( $PEC_{1p}$ , $PEC_{2p}$ y $PEC_{pp}$ ) de los marcadores del panel 1, en las diferentes razas.	34
<b>Tabla 8:</b> Frecuencias alélicas promedio ( $F_p$ ), máximas ( $F_{ma}$ ) y mínimas ( $F_{mi}$ ) para los marcadores del panel 2 en las diferentes razas analizadas.	36
<b>Tabla 9:</b> Número de alelos por locus ( $n^\circ$ alelos), Heterocigosidad observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ) y contenido de información polimórfica (PIC) para los marcadores del panel 2 para las razas Hereford, Aberdeen Angus y Holando.	37
<b>Tabla 10:</b> Probabilidad de exclusión individual ( $PE_{1p}$ , $PE_{2p}$ , $PE_{pp}$ ) de los marcadores del panel 2, para las razas Hereford, Holando y Aberdeen Angus.	37
<b>Tabla 11:</b> Probabilidad de exclusión combinada ( $PEC_{1p}$ , $PEC_{2p}$ y $PEC_{pp}$ ) para los 17 marcadores STR analizados (panel 1 y panel 2) para las razas Hereford, Holando y Aberdeen Angus.	38

## RESUMEN

Para lograr una eficiente implementación de los programas de selección, es necesario contar con información genealógica certera y confiable de los animales de la población. Los registros genealógicos son una de las fuentes de información necesarias para realizar las evaluaciones genéticas y errores en estos registros, pueden producir sesgos en dichas evaluaciones. Los chequeos de paternidad basados en marcadores moleculares son una importante herramienta que permite disminuir los errores en los registros genealógicos. Los marcadores moleculares de ADN disponibles actualmente para la verificación de parentesco en bovinos son: microsatélites (STR) y polimorfismos de nucleótido simple (SNP). Ambas metodologías están vigentes y avaladas internacionalmente por la Asociación Internacional de Genética Animal (ISAG). El objetivo de este trabajo fue evaluar un panel de 12 marcadores STR recomendado por la ISAG para chequeos de paternidad en bovinos: BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA23, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA126 y TGLA227 y BM1818 para 15 razas y 5 marcadores STR adicionales (RM067 CSRM60, MGTG4B, CSSM66, ILSTS006) en tres de ellas (Hereford, Aberdeen Angus y Holando). Se analizaron un total de 21.040 genotipos (8.377 Aberdeen Angus, 6.990 Hereford, 2.791 Holando, 758 Aberdeen Angus puro controlado, 425 Jersey, 333 Normando, 290 Braford controlado, 228 Brangus preparatorio, 206 Limousin, 168 Wagyu, 142 Charolais, 108 Shorthorn, 91 Braford, 69 Brangus y 64 Brahman). Los datos fueron obtenidos de la base de datos de la Asociación Rural del Uruguay (ARU), institución encargada de llevar los registros genealógicos de los animales de pedigrí en Uruguay. Los genotipos fueron analizados con el programa Cervus 3.0 donde se calculó, para cada raza, el número de alelos por locus, las frecuencias alélicas, la heterocigosidad observada ( $H_o$ ), la heterocigosidad esperada ( $H_e$ ), el contenido de información polimórfica (PIC), la probabilidad de exclusión (PE) y la probabilidad de exclusión combinada (PEC) para el conjunto de marcadores analizados. La PEC se calculó para el conjunto de 12 STR para todas las razas; en Hereford, Aberdeen Angus y Holando también se calculó para el conjunto de 17 STR. La PEC se calculó para 3 situaciones: PEC1p es la probabilidad de excluir un padre/madre candidato sin relación de parentesco cuando se desconoce el genotipo del otro progenitor, PEC2p es la probabilidad de exclusión para un padre/madre contando con el genotipo del progenitor conocido del sexo opuesto y PECpp es la probabilidad de excluir una pareja de candidatos sin relación de parentesco.

Para el panel de 12 STR, el número promedio de alelos por locus fue mayor a 10 (rango 10,08 a 10,92) para Aberdeen Angus, Holando, Hereford, Brangus preparatorio y Braford controlado. Valores entre 7 y 8 fueron encontrados en Aberdeen Angus puro controlado, Normando, Brangus, Limousin, Braford, Charolais, Jersey y Brahman. Los menores valores promedios correspondieron a Wagyu (6, 25) y Shorthorn (6,17).

La  $H_o$  varió de 0,1915 (ETH10 en Charolais) a 0,9420 (ETH225 en Brangus). En términos promedio por raza fue de 0,7855 en Braford, 0,7787 en Brangus, 0,7720 en Braford controlado, 0,7605 en Brangus preparatorio, 0,7310 en Holando, 0,7264 en Normando, 0,7169 en Limousin, 0,7046 en Aberdeen Angus puro controlado, 0,7003 en Wagyu, 0,6837 en Brahman, 0,6952 en Aberdeen Angus, 0,6582 en Hereford, 0,6465 en Charolais, 0,6339 en Jersey y 0,6068 en Shorthorn.

La He de los STR varió de 0,1898 (ETH10 Charolais) a 0,8612 (TGLA227 Braford controlado). Los valores máximos y mínimos de He promedio de las razas fueron 0,7761 (Braford controlado) y 0,5620 (Shorthorn), respectivamente, siendo el ranking de razas similar al descripto para Ho.

En concordancia con el parámetro anterior, los valores máximos y mínimos de PIC fueron de 0,1795 (ETH10 Charolais) y 0,8442 (TGLA227 Braford controlado). El PIC promedio fue de 0,7464 en Braford controlado, 0,7444 en Brangus preparatorio, 0,7246 en Brangus, 0,7157 en Braford, 0,6983 en Normando, 0,6980 en Holando, 0,6926 en Limousin, 0,6768 en Aberdeen Angus puro controlado, 0,6637 en Aberdeen Angus, 0,6549 en Wagyu, 0,6424 en Brahman, 0,6222 en Hereford, 0,6166 en Charolais, 0,5937 en Jersey y 0,5620 en Shorthorn.

Para el panel de 5 STR, el promedio de número de alelos por locus fue de 7,6 en Hereford, 7,4 en Aberdeen Angus y 7 en Holando. La Ho promedio fue de 0,8039 en Aberdeen Angus, 0,7736 en Hereford y 0,7333 en Holando. La He promedio fue 0,73934 en Hereford, 0,72732 en Aberdeen Angus y 0,714775 en Holando. El PIC promedio fue 0,69098 en Hereford, 0,6808 en Aberdeen Angus y 0,661175 en Holando.

La PEC1p para el panel de 12 STR varió de 0,9617274 en Shorthorn a 0,9985432 en Braford controlado. La PEC2p varió de 0,9976941 en Shorthorn a 0,9999814 en Braford controlado. La PECpp superó el valor de 0,9999 en todos los casos. Para el panel de 17 STR, la PEC1p fue 0,99857073 en Hereford, 0,99931321 en Holando y 0,99910704 en Aberdeen Angus. La PEC2p y PECpp superó los valores de 0,9999 en las 3 razas analizadas. Algunos de los STR evaluados presentaron bajo polimorfismo, reportándose valores de heterocigosidad y/o PIC inferiores a 0,5. La probabilidad de exclusión del panel de 12 marcadores, no alcanzó valores mínimos recomendados en algunas de las situaciones evaluadas. La incorporación de 5 STR adicionales, mejoró dicha probabilidad, por lo cual el panel de 17 STR evaluado, supera los valores de probabilidad de exclusión de 0,9999 con excepción de la PEC1p. El posible uso de marcadores moleculares SNP como alternativa a los STR, podría implicar una mejora en la determinación de parentescos. Los resultados presentados son una base para futuras migraciones hacia otras tecnologías como SNP.

## SUMMARY

In order to achieve the correct implementation of selection programs, accurate and reliable genealogical information is required. Genealogical registers are necessary sources of information to carry out genetic tests. Pedigree errors can produce biases in genetic evaluations. Paternity testing using molecular markers is an important tool to reduce errors in genealogical records. Microsatellites (STR) and single nucleotide polymorphisms (SNP) are both currently recommended by the International Society of Animal Genetics (ISAG) for paternity testing in cattle. The aim of this work was to evaluate the following 12 STR markers recommended by ISAG for paternity testing in cattle in 15 breeds: BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA23, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA126, TGLA227 and BM1818. Additional five STR markers (RM067 CSRM60, MGTG4B, CSSM66, ILSTS006) were also assessed across three of them (Hereford, Aberdeen Angus and Holando). A total of 21,040 genotypes were tested (8,377 Aberdeen Angus, 6,990 Hereford, 2,791 Holando, 758 pure registered Aberdeen Angus, 425 Jersey, 333 Normando, 290 registered Braford, 228 preparatory Brangus, 206 Limousin, 168 Wagyu, 142 Charolais, 108 Shorthorn, 91 Braford, 69 Brangus and 64 Brahman). This data was obtained from the Rural Association of Uruguay [ARU]. The genotypes were analyzed with the Cervus 3.0 program; the number of alleles per locus, allelic frequencies, observed heterozygosity ( $H_o$ ), expected heterozygosity ( $H_e$ ), polymorphic information content (PIC) and probability of exclusion (PE) were calculated for each marker across all breeds; probability of combined exclusion (PEC) for 12 STR was calculated across all breeds, and for 17 STR in Hereford, Aberdeen Angus and Holando. PEC was calculated for 3 situations: one of the parental genotypes is not available for testing (PEC1p); the genotypes of one of the known parents (sire/dam) and the offspring, as well as that of a putative parent are compared (PEC2p); and given two parents and one offspring, exclude both parents (PECpp). For the series of 12 STR, the average alleles per locus was greater than 10 (range 10.08 to 10.92) for Aberdeen Angus, Holando, Hereford, Brangus preparatory and Braford controlled. Values between 7 and 8 were found in pure controlled Aberdeen Angus, Normando, Brangus, Limousin, Braford, Charolais, Jersey and Brahman. The lowest average values corresponded to Wagyu (6.25) and Shorthorn (6.17). The  $H_o$  varied from 0.1915 (ETH10 in Charolais) to 0.9420 (ETH225 in Brangus). Average  $H_o$  was 0.7855 in Braford, 0.7787 in Brangus, 0.7720 in controlled Braford, 0.7605 in preparatory Brangus, 0.7310 in Holando, 0.7264 in Normando, 0.7169 in Limousin, 0.7046 in Aberdeen Angus pure controlled, 0.7003 in Wagyu, 0.6837 in Brahman, 0.6952 in Aberdeen Angus, 0.6582 in Hereford, 0.6465 in Charolais, 0.6339 in Jersey and 0.6068 in Shorthorn.

The  $H_e$  ranged from 0.1898 (ETH10 Charolais) to 0.8612 (TGLA227 Braford controlled). Maximum and minimum average values for all breeds were 0.7761 (Braford controlled) and 0.5620 (Shorthorn), respectively; ranking of breeds was similar to the one described for  $H_o$ . Maximum and minimum values for PIC were 0.1795 (ETH10 Charolais) and 0.8442 (TGLA227 Braford controlled); the average PIC was 0.7464 in Braford controlled, 0.7444 in Brangus preparatory, 0.7246 in Brangus, 0.7157 in Braford, 0.6983 in Normando, 0.6980 in Holando, 0.6926 in Limousin, 0.6768 in pure Aberdeen Angus controlled, 0.6637 in Aberdeen Angus, 0.6549 in Wagyu, 0.6424 in Brahman, 0.6222 in Hereford, 0.6166 in Charolais, 0.5937 in Jersey and 0.5620 in Shorthorn.

For the additional 5 STR, the average number of alleles per locus was 7.4 in Aberdeen Angus, 7.6 in Hereford, and 7 in Holando. The average  $H_o$  was 0.8039 for Aberdeen Angus, 0.7736 for Hereford and 0.7333 for Holando. Average  $H_e$  was 0.72732 in Aberdeen Angus, 0.73934 in Hereford, and 0.714775 in Holando. The average PIC was 0.6808 in Aberdeen Angus, 0.69098 in Hereford and 0.661175 in Holando. PEC1p for 12 STR ranged from 0.9617274 in Shorthorn to 0.9985432 in Braford controlled. PEC2p ranged from 0.9976941 in Shorthorn to 0.9999814 in controlled Braford. The PECpp exceeded the value of 0.99999 in all breeds except Shorthorn (0.9999655) and Jersey (0.9999832). For the 17 STR, PEC1p was 0.99857073 in Hereford, 0.99931321 in Holando and 0.99865167 in Aberdeen Angus. PEC2p and PECpp were above 0.99999 across these three breeds. Some of the STR evaluated showed low polymorphism, with values of heterozygosity and/or PIC below 0.5 being reported. The probability of exclusion of the 12 STR was lower than 0.999 in some of the evaluated situations. Adding 5 STR improved that probability; the panel of 17 STR showed probabilities of exclusion  $>0.9999$ , with the exception of the PEC1p. The possible use of SNP as an alternative to STRs could improve parentage verification. The presented findings may be useful in the event of migrating to SNP.

## REVISION BIBLIOGRAFICA

### La ganadería y el mejoramiento genético en Uruguay

Uruguay presenta características climáticas y geográficas que lo hacen adecuado para la actividad agropecuaria, siendo ésta una de las principales actividades económicas del país. El PBI agroindustrial representó entre el 12 y el 14% del PBI total en los últimos años y dentro de la producción agropecuaria, la pecuaria (ganado bovino, leche, lana y otros) representa cerca del 45%. Cerca del 75% de la superficie del país está dedicada a la ganadería; según datos oficiales, en el período 2013-2014, cerca de un 80% de las explotaciones tenían como especialización productiva<sup>1</sup> la ganadería (41.795 establecimientos), el 11 % agrícola-ganadera (5.747 establecimientos), y un 8% especialización lechera (4.341 establecimientos) (anuario DIEA, 2015). Las principales razas bovinas explotadas son Aberdeen Angus y Hereford en lo referente a producción de carne y Holando para producción de leche.

El mejoramiento genético animal se ha desarrollado en Uruguay desde hace varias décadas (Gianola, 1991). Diversas instituciones como la Asociación Rural de Uruguay (ARU) y sus gremiales de criadores, la Universidad de la República (UdelaR), el Secretariado Uruguayo de la Lana (SUL), el Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), el Ministerio de Ganadería Agricultura y Pesca (MGAP), entre otras, han sido protagonistas en este proceso (Urioste, 2010).

El Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA) es la institución encargada de realizar las evaluaciones genéticas en nuestro país. Los sistemas nacionales de evaluaciones genéticas para las principales razas bovinas y ovinas, cuantifican el valor genético de los animales a través de la predicción de las diferencias esperadas en la progenie (DEP) para las características de interés, en las distintas especies (Urioste, 2010). La DEP es una estimación del mérito genético de los animales, que se calcula mediante métodos estadísticos que consideran información productiva y genealógica de los animales evaluados. Para un animal determinado, es la diferencia que se espera observar entre el promedio de producción de su progenie y la de los hijos de un animal con DEP igual a cero.

La ARU es la institución encargada de llevar los registros genealógicos de los animales de pedigree. Actualmente en Uruguay, existen aproximadamente 550 cabañas de bovinos, en las cuales se lleva a cabo la selección genética y son responsables de la mejora genética, la cual se traslada al sector de roderos comerciales a través del uso de reproductores. Entre el año 2010 y 2016 se inscribieron en promedio un total de 23450 bovinos por año, siendo las razas más importantes Hereford, Aberdeen Angus y Holando, que representaron, en promedio

---

<sup>1</sup> Se definen predios especializados en: 1) ganadería: "según DICOSE, predios con hasta 2 hectáreas de agricultura y/o hortifruticultura, y sin lechería comercial dentro de los 3 giros principales", 2) agricultura y ganadería: "según DICOSE, predios con más de 2 hectáreas de agricultura y/o hortifruticultura, y sin lechería comercial dentro de los 3 giros principales", y 3) lechería: "según DICOSE, predios con lechería comercial como giro principal, secundario o terciario (DIEA 2015).

en el período considerado, el 43%, 30% y 9 % respectivamente (memorias registros genealógicos ARU).

### **Errores en los registros genealógicos y su impacto en las evaluaciones genéticas**

Los registros genealógicos son una de las fuentes de información necesarias para el cálculo de las DEP. Para lograr una eficiente implementación de los programas de selección, es necesario contar con información genealógica certera y confiable de los animales de la población (Adamov y col., 2011).

Diversos autores han investigado los errores en los registros de pedigree de diferentes poblaciones bovinas. Errores en el pedigree en poblaciones de bovinos lecheros en Israel fue estimado entre 5,2% (Ron y col., 1996) y 11,7% (Weller y col., 2004), mientras que en poblaciones bovinas alemanas se estimaron errores en el pedigree de 7% (Sanders y col., 2006) y en Reino Unido esta tasa de error fue de 10% para poblaciones de bovinos lecheros (Visscher y col., 2002).

Errores en los registros genealógicos resultan en sesgos en las evaluaciones genéticas, en la estimación de parámetros genéticos (heredabilidades y correlaciones entre diferentes características), correlación entre el valor genético estimado y verdadero, y en el progreso genético (Geldermann y col., 1986; Van Vleck, 1970; Senneke y col., 2004; Sanders y col., 2006).

En poblaciones bovinas de Reino Unido, se estimó una disminución en la respuesta a la selección de aproximadamente 2% a 3%, dado un 10% de error en la genealogía que impactan en la eficiencia de las pruebas de progenie y en la precisión en la estimación de los valores de cría (Visscher y col., 2002). Para una tasa de error en el pedigree del 15%, Geldermann y col. (1986) estimaron ganancias genéticas que estuvieron entre un 9% y un 17% por debajo de la ganancia potencial sin errores en los registros genealógicos. Errores de un 10% en el pedigree, en poblaciones bovinas de Israel, redujeron las ganancias genéticas por año en un 4,3%, en comparación a las estimaciones realizadas en la misma población considerando información genealógica correcta (Israel y col., 2000).

Un 11% de errores en pedigree en bovinos lecheros Holando de Estados Unidos, tuvo un impacto importante en las evaluaciones genéticas de ese país y en las comparaciones genéticas internacionales. Las estimaciones de consanguinidad, tendencias genéticas, varianzas y correlaciones genéticas entre países disminuyeron. Las tendencias genéticas estimadas disminuyeron entre un 11% y un 15%. Las correlaciones genéticas estimadas entre EEUU y otros países disminuyeron entre 0,04 y 0,06 cuando las evaluaciones se basaron en pedigree con errores. La reducción en la ganancia genética se explica por los sesgos en las estimaciones genéticas, que limitan la capacidad de identificar aquellos animales realmente superiores que están disponibles internacionalmente (Banos y col., 2001).

Según Harder y col. (2005), dos tipos de error pueden influir en la estimación de los valores de cría de los animales evaluados, errores en el pedigree y falta de información en los registros. El efecto de estos dos tipos de error fue evaluado en

poblaciones bovinas alemanas. Si bien ambos influyeron en la precisión de las evaluaciones y en las ganancias genéticas, el impacto de los errores en el pedigree fue más perjudicial que la falta de información en los registros, en la estimación de ganancias genéticas (Sanders y col., 2006).

Christensen y col. (1982) enumera una serie de razones para explicar los errores en los registros de genealogía: 1) errores en el etiquetado del semen, en los centros de semen; 2) errores en la identificación del semen a la hora de realizar la inseminación artificial (IA) (error del inseminador); 3) inseminación de vacas ya preñadas por una inseminación anterior; 4) errores de registros del número o nombre del toro utilizado en la IA; 5) utilización de toros por monta natural de vacas previamente inseminadas, que conduce a preñeces de vacas supuestamente preñadas por el toro usado en la IA; 6) errores en la identificación del toro, cuando una vaca entra en el rodeo lechero en los esquemas donde la información de pedigrí en vacas lecheras, es obtenida a través del programa de control lechero; y 7) intercambio de terneros. Algunas de estas causas, podrían minimizarse utilizando un buen sistema de registro y control durante la inseminación artificial (IA) (Visscher y col., 2002; Weller y col., 2004).

Los chequeos de ascendencia se han implementado desde hace muchos años como herramienta para minimizar los errores en los registros de los animales de pedigree. Existen acuerdos y estándares internacionales para realizar estos chequeos en las diferentes especies, y las metodologías han ido variando a lo largo del tiempo (Sociedad internacional de genética Animal, 2017).

### **Verificación de parentesco en bovinos**

El primer método utilizado para la verificación de parentesco en bovinos fue la tipificación sanguínea. La prueba se basa en la presencia y detección (mediante reactivos específicos) de diferentes antígenos (proteínas) específicos (factores sanguíneos) en la superficie de los glóbulos rojos de los bovinos y la detección de polimorfismos de estas proteínas sanguíneas (Ferguson, 1941). Los test de tipificación sanguínea fueron estandarizados y utilizados a nivel internacional durante mucho tiempo (Stormont, 1958; Stormont, 1967).

Con el avance en las técnicas moleculares, estos test fueron sustituidos por otras técnicas moleculares basadas en polimorfismos de ADN. Los estudios basados en marcadores del ADN ofrecen ciertas ventajas frente a los test de tipificación sanguínea. Por ejemplo, pueden ser realizados a partir de cualquier muestra biológica de un animal (semen, sangre, pelo, saliva, huesos y otros tejidos) presentando una mayor precisión del análisis, mayor rapidez en la obtención de resultados y una gran automatización en los análisis a realizar por éste método (Visscher y col., 2002; Radko y Rychlik, 2009).

Los marcadores de ADN utilizados para la verificación de parentesco en bovinos han sido los microsátélites o secuencias en tándem simples repetidas (*STR del inglés Short Tandem Repeat*). Desde hace unos años se ha empezado a utilizar otro tipo

de marcadores moleculares de ADN, los SNP o polimorfismos de nucleótido simple. Actualmente ambas metodologías están vigentes y avaladas por la ISAG.

En Uruguay, ARU es la institución encargada de llevar los registros genealógicos de los animales de pedigree (Asociación Rural del Uruguay, 2017). La institución realiza la tipificación y chequeo de ascendencia de un porcentaje de los animales inscriptos, como medida para garantizar la seriedad e integridad de dichos registros. Hasta el año 2006 esta identificación y verificación de parentesco se realizaba a partir de la tipificación sanguínea. En 2007 se comenzaron a utilizar los microsatélites como herramientas de verificación de parentesco en bovinos inscriptos en los registros genealógicos de ARU. En un principio se utilizó un panel de 11 STR (BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA23, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA126 y TGLA227), luego se incorporó el microsatélite BM1818 y posteriormente se agregaron cinco microsatélites adicionales (MG TG4B, CSRM60, ILSTS006, RM067 y CSSM66), lo que hace un total de 17 marcadores que se utilizan actualmente.

### **Secuencias microsatélites (*Short Tandem Repeat* - STR)**

Los microsatélites son secuencias de ADN formadas por una combinación de 1 o 6 pares de bases que se repiten en tándem un determinado número de veces, y de forma aleatoria en el genoma. Se caracterizan por tener un alto grado de polimorfismo, presentan herencia mendeliana simple, son codominantes, su análisis es relativamente fácil y automatizable, con resultados fáciles de analizar, fiables y repetitivos (González, 2003; Aranguren-Méndez 2005).

Por sus características, los microsatélites han sido utilizados en diferentes tipos de estudios como los son la identificación individual y pruebas de paternidad, la realización de mapas genéticos, estudios de genómica comparativa, estudios de genética poblacional, asignación de individuos a razas, entre otros (González, 2003; Aranguren-Méndez 2005).

Para seleccionar los marcadores a utilizar en pruebas de paternidad, estos deberían reunir ciertas características como, alta variabilidad, baja tasa de mutación, no presencia de alelos nulos, que segreguen de forma independiente con otros marcadores a ser incluidos en la prueba, elevada reproductividad y precisión, procedimiento fácil, rápido automatizable (Aranguren-Méndez, 2005).

A nivel internacional, se ha definido un conjunto o panel de marcadores microsatélites a utilizar por todos los laboratorios que realicen estudios de paternidad, con el objetivo de contar con un conjunto de marcadores en común y poder comparar así, animales tipificados en diferentes laboratorios y países. Estos marcadores están estandarizados y se realizan periódicamente test de comparación de resultados entre los diferentes laboratorios miembros de la ISAG, con el objetivo de comparar resultados y evaluar los paneles ([www.isag.us/docs/Rules\\_CT.pdf?v2](http://www.isag.us/docs/Rules_CT.pdf?v2)).

En bovinos, los microsatélites recomendados por la ISAG para realizar chequeos de paternidad son 12: BM1818, BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA23, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA126 y TGLA227 (Tabla 1)

([http://www.isag.us/Docs/ISAG2008\\_CattleParentage.pdf](http://www.isag.us/Docs/ISAG2008_CattleParentage.pdf)). Además, cada laboratorio puede incorporar los marcadores que crea conveniente. Existe un panel de 6 STR, recomendado por la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO, 2017), para estudios genéticos en animales domésticos: MGTG4B, CSRM60, SPS113, ILSTS006, RM067 y CSSM66, que fue reportado por el 25-30% de los laboratorios miembros de la ISAG, que participaron en el test de comparación internacional, realizado en julio del 2014 (ISAG Workshop Report, 2014).

**Tabla 1:** Descripción de los 12 marcadores STR recomendados por la ISAG para chequeos de paternidad en bovinos. Nombre: nombre del microsatélite, Cr: ubicación en cromosoma, Secuencia repetida: variante de secuencia, Secuencia de cebadores: F: Forward y R: Reverse, T: posible tamaño de secuencia amplificada en pares de bases (pb)

Nombre	Referencia	Cr	Secuencia repetida	Secuencia de cebadores	T (pb)
BM1818	Bishop y col., (1994)	23	(TG) <sub>n</sub>	F: AGCTGGGAATATAACCAAAGG R: AGTGCTTTCAAGGTCCATGC	253-277
BM1824	Barendse y col., (1994)	1	(GT) <sub>n</sub>	F: GAGCAAGGTGTTTTTCCAATC R: CATTCTCCAAGTCTTCCTTG	176-188
BM2113	Sunden y col., (1993)	2	(CA) <sub>n</sub>	F: GCTGCCTTCTACCAAATACCC R: CTCCTGAGAGAAGCAACACC	124-146
ETH3	Solinas-Toldo y col., (1993)	19	(GT) <sub>n</sub> AC(GT) <sub>6</sub>	F: GAACCTGCCTCTCCTGCATTGG R: ACTCTGCCTGTGGCCAAGTAGG	100-128
ETH10	Solinas-Toldo y col., (1993)	5	(AC) <sub>n</sub>	F: GTTCAGGACTGGCCCTGCTAACA R: CCTCCAGCCCCTTTCTCTTCTC	206-222
ETH225	Steffen y col., (1993)	9	(TG) <sub>4</sub> CG(TG) <sub>4</sub> (CA) <sub>n</sub>	F: GATCACCTTGCCACTATTTCTCCT R: ACATGACAGCCAGCTGCTACT	139-157
INRA023	Vaiman y col., (1994)	3	(AC) <sub>n</sub>	F: GAGTAGAGCTACAAGATAAACTTC R: TAACTACAGGGTGTAGATGAACTC	201-225
SPS115	BCMHS (2006)	15	(CA) <sub>n</sub> TA(CA) <sub>6</sub>	F: AAAGTGACACAACAGCTTCACCAG R: AACCGAGTGTCTAGTTTGCTGTG	247-261
TGLA53	Georges & Massey (1992)	16	(TG) <sub>6</sub> CG(TG) <sub>4</sub> (TA) <sub>n</sub>	F: GCTTTCAGAAATAGTTTGCATTCA R: ATCTTCACATGATATTACAGCAGA	151-187
TGLA122	Georges & Massey (1992)	21	(AC) <sub>n</sub> (AT) <sub>n</sub>	F: AATCACATGGCAAATAAGTACATAC R: CCCTCCTCCAGGTAAATCAGC	136-182
TGLA126	Georges & Massey (1992)	20	(TG) <sub>n</sub>	F: CTAATTTAGAATGAGAGAGGCTTCT R: TTGGTCTCTATTCTCTGAATATTCC	111-127
TGLA227	Georges & Massey (1992)	18	(TG) <sub>n</sub>	F: GGAATTCCAAATCTGTTAATTTGCT R: ACAGACAGAACTCAATGAAAGCA	76-104

BCMHS: Baylor College of Medicine Human Genome Sequencing Center

La utilización de marcadores moleculares y en particular de los microsatélites, ha sido una herramienta muy valiosa para realizar verificación de parentesco y minimizar los errores en los registros genealógicos. Sin embargo, hay que tener presente que pueden surgir errores de la propia técnica que se deben considerar al momento de utilizarla. Weller y col. (2004) enumeran una serie de errores que

pueden ocurrir durante el análisis del ADN por STR y los chequeos de ascendencia, que podrían conducir al rechazo incorrecto de animales cuya genealogía es correcta. Estos errores pueden ser: errores en el propio genotipado, presencia de alelos nulos, mutaciones dentro de las secuencias de microsátelites y una eventual mala asignación de identidad de las muestras analizadas. Según este autor, de los cuatro mencionados, los errores en el genotipado serían la causa más frecuente de rechazos incorrectos durante los chequeos de ascendencia.

Los alelos nulos, son alelos que, si bien existen en la muestra que se está analizando, no son “detectados” en el análisis. Se producen debido a variaciones en la secuencia de ADN de las regiones complementarias a los cebadores del microsátelite, que resultan en fallas en la hibridación del primer durante la reacción de PCR (Polymerase Chain Reaction) y en la no amplificación del alelo (Butler, 2001).

Como medida para minimizar el rechazo incorrecto de animales, la ISAG recomienda, reanalizar las muestras involucradas cuando se encuentran inconsistencias en el chequeo, con el objetivo de descartar posibles errores en el genotipado o cambios de muestras. Si la exclusión es en un único marcador, se recomienda amplificar un segundo panel de marcadores, con el objetivo de aumentar el número total de marcadores evaluados, aumentando así la precisión de del panel (el poder de exclusión). No se recomienda la exclusión de un posible padre o madre por la inconsistencia en un único marcador ([www.isag.us/docs/Rules\\_CT.pdf?v2](http://www.isag.us/docs/Rules_CT.pdf?v2)).

### **Variantes de secuencia simples (*Single Nucleotide Polymorphism - SNP*)**

Los SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) son un tipo de polimorfismo que corresponde a la diferencia en un único nucleótido en la secuencia de ADN, que afecta a una única base. Para que sea considerado un SNP, el alelo menos frecuente debe tener una frecuencia de al menos 1%. Teóricamente, en este tipo de polimorfismo, podría estar presente cualquiera de las cuatro bases (adenina, guanina, citosina, o timina), sin embargo, la probabilidad de que ocurra dos veces una mutación en la misma base es muy baja, y por esta razón estos marcadores son considerados bialélicos (Vignal y col., 2002).

Los SNP son abundantes en el genoma de los bovinos, (uno cada 500 pares de bases; Heaton y col., 2001; Brumfield y col., 2003), poseen bajas tasas de error en el genotipado (Kennedy y col., 2003), son genéticamente estables, tiene bajas tasa de mutación, la interpretación de los resultados es menos compleja que la de otros marcadores, y presentan una alta automatización del procesado de las muestras y del análisis de los datos (Vignal y col., 2002).

El desarrollo de plataformas de genotipado masivo de SNP ha llevado también a una reducción del costo en el caso de este tipo de marcadores, que, sumado a la automatización de la interpretación de los resultados, que reduce los errores, están impulsando el uso de SNP en la determinación de paternidad.

Existe una implementación creciente a nivel mundial de la selección genómica con la inclusión de paneles de alta densidad de marcadores de SNP, debida al mayor progreso genético y la factibilidad de mejora genética de nuevas características de importancia económica (Meuwissen y col., 2016). La disponibilidad de genotipados con SNP, sumando a la mayor precisión y menor costo relativo, cuestiona la necesidad de realizar la determinación de paternidad con STR cuando ya existe información por SNP. La utilización de SNP ya está en marcha en otros países, como por ejemplo por las Asociaciones Americanas de Angus y Hereford en Estados Unidos y la Asociación Rural Argentina.

Actualmente, la ISAG avala la utilización de los marcadores SNP para realizar chequeos de paternidad en bovinos. La ISAG determinó un panel de 100 SNP ([http://www.isag.us/Docs/ISAG-ICAR\\_Cattle\\_Comparison\\_Test\\_100\\_SNP\\_panel.xlsx](http://www.isag.us/Docs/ISAG-ICAR_Cattle_Comparison_Test_100_SNP_panel.xlsx)), y uno de 100 SNP adicionales ([http://www.isag.us/Docs/1\\_Workshop\\_report\\_2012-CMMPT.pdf](http://www.isag.us/Docs/1_Workshop_report_2012-CMMPT.pdf)) para utilizar en la verificación de paternidades. Diferentes laboratorios de diversos países, ya han sustituido los STR por SNP para realizar chequeos de paternidad en bovinos.

Debido a las características que presentan, y las ventajas que ofrecen frente a otros tipos de marcadores moleculares, los SNP se han utilizado también para diversos tipos de análisis como, caracterización de poblaciones, estudios de asociación con caracteres cuantitativos, estudios de biodiversidad, elaboración de mapas de ligamiento, entre otros. (Vignal y col., 2002; Brumfield y col., 2003). Los SNP también han sido utilizados para realizar estudios de paternidad en diferentes especies (Tokarska y col., 2009; Harlizius y col., 2011) y en particular en bovinos (Heaton y col., 2002; Hayes, 2011; Elbert, 2013; Strucken y col., 2014).

Paneles de SNP han sido probados en poblaciones bovinas nacionales para la determinación de parentesco por Aguilar y col. (2012). En este trabajo, se utilizó un panel de 50 mil marcadores SNP (50K) en el cual se estimaron frecuencias alélicas y probabilidades de exclusión del set de SNP seleccionados para paternidad.

### **Información aportada por los marcadores moleculares**

Existen una serie de parámetros estadísticos para cuantificar la variabilidad genética y poder caracterizar la información aportada por los marcadores moleculares. Los parámetros estadísticos utilizados más frecuentemente son: porcentaje de *loci* polimórficos, número medio de alelos por locus, contenido de información polimórfica (PIC, del inglés Polymorphic Index Content) (Botstein y col., 1980) y la heterocigosidad esperada y observada (Nei, 1978). La eficiencia de un marcador para chequeos de paternidad es descrita por la probabilidad de exclusión (Jamieson, 1994). La efectividad de un panel de marcadores es evaluada a través de la probabilidad combinada de los marcadores considerados en cada panel.

La heterocigosidad observada ( $H_o$ ) se define como la frecuencia relativa de individuos heterocigotos observados en la muestra poblacional para cualquiera de los loci. La heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) es la probabilidad de que dos alelos

tomados al azar de la población sean diferentes (Crow y Kimura, 1970; Nei, 1978).  $H_e$  es una medida útil de la informatividad de un locus, los valores de  $H_e$  de 0,5 o menos indican que ese locus no es muy útil para el análisis de parentesco a gran escala (Marshall y col., 1998).

El valor PIC es un parámetro que oscila entre 0 y 1 y expresa el valor informativo de cada marcador. El valor cero indica que un alelo se ha fijado en la población y por tanto ese marcador no es útil para la verificación de parentesco. En general, se considera que valores de PIC menores a 0,5 no son muy útiles en los test de parentesco y cuanto más cercano a 1 más informativo es el marcador (Botstein y col., 1980).

La probabilidad de exclusión (PE) expresa la probabilidad de que la asignación errónea de un progenitor (padre o madre) sea detectada por el análisis. Se calcula para un marcador en particular, y para un conjunto de marcadores (PE combinada). En pruebas de paternidad se utilizan paneles o conjuntos de marcadores, cuanto mayor sea el valor de la PE combinada (más cercano a uno) mejor será ese conjunto de marcadores para la verificación de parentesco (Jamieson, 1994).

La información aportada por los indicadores mencionados permite la evaluación de los marcadores como herramientas para verificación de ascendencia, a la vez que nos permiten comparar distintos tipos de marcadores utilizados con el mismo fin (López Herráez y col., 2005).

### **Evaluación de STR para paternidad en diferentes poblaciones bovinas**

Estudios realizados en rodeos americanos de razas Hereford y Aberdeen Angus, evaluaron un panel de 23 STR, entre los que se encontraba 10 de los 12 recomendados por la ISAG (no se evaluaron ETH3 ni TGLA53). Se determinaron un promedio de 9 alelos por locus, por lo que el PIC promedio fue de 0,626 y la probabilidad de exclusión para el panel evaluado fue de 0,999 (en la situación donde los genotipos eran disponibles para padres putativos de un sexo, pero el genotipo del otro padre era desconocido). En la población estudiada, el marcador BM1824 fue el que presentó el menor número de alelos por locus (6 alelos), mientras que el TGLA126 fue el que presentó mayor número de alelos (13 alelos); los valores máximos de  $H_e$ ,  $H_o$ , PIC y PE fueron presentados por el marcador BM2113, mientras que BM1818 presentó el menor valor de  $H_o$  y  $H_e$  (junto con TGLA122), y TGLA122 presentó el menor valor de PIC y PE (Van Eenennaam y col., 2007).

Estudios similares realizados en rodeos de raza Aberdeen Angus en Colombia, encontraron que el marcador que presentó mayores valores de  $H_e$ , PIC y PE fue el BM1824, mientras el mayor valor de  $H_o$  lo presentó BM2113; TGLA122 fue el que presentó menores valores de  $H_e$ , PIC y PE, y TGLA126 menor valor de  $H_o$  (Montoya y col., 2010). Otros estudios, han determinado para la raza Angus, que el marcador con mayor PIC y heterocigosidad fue TGLA122; mientras ETH10 fue el que presentó el menor valor para ambos indicadores. En rodeos de raza Hereford, estos investigadores encontraron que TGLA122 también fue el marcador con mayores valores de heterocigosidad y PIC, y TGLA227 y ETH10 presentaron el menor valor

(Yoon y col., 2005). En la Tabla 2 se presenta un resumen de los parámetros observados para estos marcadores por los diferentes autores.

En diferentes rodeos de raza Holando, se observó que los marcadores con mayor valor de Ho, He y PIC fueron BM1818 (Ozkan y col., 2009) y SPS115 (Rahimi y col., 2006; Rehout y col., 2006), mientras que los que presentaron menores valores para estos indicadores fueron TGLA227 e INRA23 para Ho, y TGLA227 y TGLA53 para He y PIC (Rahimi y col., 2006; Rehout y col., 2006; Ozkan y col., 2009). Se detallan en la Tabla 3 el resumen de los parámetros obtenidos para distintos marcadores utilizados sobre la raza Holando.

**Tabla 2:** Parámetros de información de los microsatélites en diferentes poblaciones Hereford y Aberdeen Angus. Número de alelos por locus, Heterocigosidad observada (Ho), esperada (He), contenido de información polimórfica (PIC), probabilidad de exclusión (PE), y probabilidad de exclusión acumulada, para los marcadores recomendados por la ISAG para chequeos de paternidad en bovinos

Autor	Van Eenennaam y col., 2007 EEUU	Montoya y col., 2010 Colombia	Yoon y col., 2005 Corea	Yoon y col., 2005 Corea
<b>Raza</b>	<b>Angus y Hereford</b>	<b>Angus</b>	<b>Angus</b>	<b>Hereford</b>
<b>Animales (n)</b>	660	61	38	33
<b>Cantidad STR</b>	23	10	18	18
<b>n° alelos/locus</b>				
<i>promedio</i>	9	9.3	sd	sd
<i>Mínimo</i>	6 (BM1824)	7 (ETH10) 7 INRA64)	sd	sd
<i>máximo</i>	13 (TGLA126)	11 (SPS115, BM2113)	sd	sd
<b>Ho</b>				
<i>promedio</i>	Sd	0.60	sd	sd
<i>Mínimo</i>	0.63 (BM1818)	0.475 (TGLA126) 0.410 INRA32)	0.494 (ETH10)	0,493 TGLA227
<i>máximo</i>	0.82 (BM2113)	0.803 (BM2113)	0.962 (TGLA122)	0,849 (TGLA122)
<b>He</b>				
<i>promedio</i>	sd	0.77	sd	sd
<i>Mínimo</i>	0.68 (TGLA122, BM1818)	0.657 (TGLA122) 0,542 (INRA32)	sd	sd
<i>máximo</i>	0.82 (BM2113)	0.863 (BM1824)	sd	sd
<b>PIC</b>				
<i>promedio</i>	0.626	sd	sd	Sd
<i>Mínimo</i>	0.58 (TGLA122)	0.651 (TGA122) (0.537 INRA32)	0.463 (ETH10)	0,452 ETH3
<i>máximo</i>	0.80 (BM2113)	0.854 (BM1824)	0.962 (TGLA122)	0,848 (TGLA122)
<b>PE</b>				
<i>Mínimo</i>	0.23; 0.38 (TGLA122)	0.439 (TGLA122) (0.335 INRA32)	sd	Sd
<i>máximo</i>	0.47; 064* (BM2113)	0.709 (BM1824)	sd	sd
	* excl. 1 y 2		sd	sd
<b>PE acumulada</b>	0,999	0.9999	sd	sd

Estudios realizados en rodeos de raza Brahman en México, donde se evaluaron 8 de los 12 marcadores recomendados por la ISAG para chequeos de paternidad,

determinaron un número promedio de alelos por locus de 8,125, donde el número de alelos varió de 4 (ETH3) a 12 (BM2113), la heterocigosidad varió de 0,5179 (ETH3) a 0,8576 (BM2113) a y la PE de 0,22 (ETH3) a 0,72 (BM2113), la PEC para los 8 STR evaluados fue de 0,9930. Los mismos investigadores, evaluaron los 8 STR en un rodeo de raza Brangus, el número de alelos por locus varió de 10 (BM1824) a 21 (ETH225), con número de alelos promedio por locus de 16,125, la heterocigosidad varió de 0,7176 (TGLA122) a 0,8855 (BM2113), y la PE de 0,45 (ETH10) a 0,77 (BM2113), para esta raza la PE combinada para los 8 marcadores fue de 0,9990 (Riojas-Valdés y col., 2009).

**Tabla 3:** Número de alelos por locus, Heterocigosidad observada (Ho), esperada (He), contenido de información polimórfica (PIC), probabilidad de exclusión (PE), y probabilidad de exclusión combinada (PEC), para los marcadores recomendados por la ISAG para chequeos de paternidad en bovinos, en diferentes poblaciones de raza Holando.

Autor	Ozkan y col., 2009 Turquía	Rehout y col., 2006 República Checa	Rahimi y col., 2006 Irán
<b>Raza</b>	Holando	Holando	Holando
<b>Animales (n)</b>	156	510	120
<b>Cantidad de STR</b>	12	10	13
<b>Número de alelos/locus</b>			
<i>promedio</i>	9,17	9,1	9,15
<i>mínimo</i>	6 (TGLA126)	6 (BM1824, TGLA126)	6 (BM1824, BM2113, ETH10)
<i>máximo</i>	14 (TGLA122); 13 (TGLA227)	14 (TGLA122); 12 (TGLA227)	18 (TGLA53)
<b>Ho</b>			
<i>promedio</i>	0.7099	0,769	0,765
<i>mínimo</i>	0.609 (BM1818) 0.423 (RM006)	0,625 (SPS115)	0.669 (SPS115)
<i>máximo</i>	0.859 (TGLA227)	0,875 (INRA23) 0,853 (TGLA227)	0,856 (TGLA227)
<b>He</b>			
<i>promedio</i>	0.721	0,746	0,733
<i>mínimo</i>	0.5810 (BM1818) 0.4514 (RM006)	0,607 (SPS115)	0,612 (SPS115)
<i>máximo</i>	0.8570 (TGLA227)	0,835 (TGLA227)	0,898 (TGLA53)
<b>PIC</b>			
<i>promedio</i>		0,713	0,694
<i>mínimo</i>	0.51 (BM1818) 0.42 (RM006)	0,575 (SPS115)	0,573 (SPS115)
<i>máximo</i>	0.84 (TGLA227)	0,816 (TGLA227)	0,885 (TGLA53)
<b>PE</b>			
<i>mínimo</i>	0.741 (BM1818)	0,582 (TGLA126)	0,389 (SPS115)
<i>máximo</i>	0.953 (TGLA227)	0,853 (TGLA227)	0,788 (TGLA53)
<b>PEC</b>	0.999	0,999	0,9997

Estudios realizados en rodeos de raza Brangus en Colombia, donde se evaluaron un total de 10 STR (7 de los 12 recomendados por la ISAG), determinaron una variación en el número de alelos que fue de 7 (BM1824) a 13 (TGLA122), la He varió

de 0,656 (TGLA122) a 0,899 (ETH225), la  $H_o$  de 0,527 (SPS115) a 0,845 (BM2113), el PIC de 0,646 (TGLA122) a 0,891 (ETH225), y la PE de 0,446 (TGLA122) a 0,779 (ETH225); la PE combinada para los 10 STR fue de 0,9999 (Montoya y col., 2010). En poblaciones de raza Charolais, se encontró que el marcador TGLA227 fue el que presentó menores valores de heterocigosidad y PIC, mientras que TGLA122 fue el que presentó mayores valores para estos indicadores (Yoon y col., 2005).

Los resultados de las investigaciones donde se evalúan los STR recomendados por la ISAG para chequeos de paternidad en bovinos, son variables para cada población estudiada; las frecuencias alélicas para un mismo marcador son variables en las diferentes razas (Yoon y col., 2005), e incluso en diferentes poblaciones de una misma raza, lo que determina que los valores de PIC,  $H_o$ ,  $H_e$ , PE, sean variables para un mismo marcador en distintas poblaciones de la misma, o diferentes razas. En general estas investigaciones concluyen que los paneles evaluados son útiles para realizar verificación de parentesco en las poblaciones estudiadas, determinado en la mayoría de los casos, probabilidad de exclusión combinada (para todos los STR evaluados), iguales o mayores a 0,999 (Yoon y col., 2005; Rahimi y col., 2006; Rehout y col., 2006; Van Eenennaam y col., 2007; Ozkan y col., 2009; Riojas-Valdés y col., 2009; Montoya y col., 2010).

## **OBJETIVOS GENERAL Y ESPECÍFICOS**

### **Objetivo General**

Evaluar los paneles de marcadores moleculares utilizados para verificación de paternidad en bovinos en nuestro país y generar información relevante para futuros procesos de migración hacia otros tipos de marcadores.

### **Objetivos Específicos**

1. Calcular número de alelos por locus, frecuencias alélicas, heterocigosidad observada y esperada, contenido de información polimórfica y probabilidad de exclusión para cada uno de los 12 STR (panel 1) recomendados por la ISAG y utilizados para control de paternidad, en 15 razas de bovinos en Uruguay.
2. Calcular número de alelos por locus, frecuencias alélicas, heterocigosidad observada y esperada, contenido de información polimórfica y probabilidad de exclusión para un panel adicional de 5 marcadores STR (panel 2) también utilizados para control de paternidad, en las razas Aberdeen Angus, Hereford y Holando.
3. Estimar la fortaleza de los paneles de marcadores STR utilizados para control de paternidad en bovinos, a través del cálculo de la probabilidad de exclusión de dichos paneles.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Base de datos utilizada

Los datos utilizados en el presente trabajo fueron obtenidos de la base de datos de la Asociación Rural del Uruguay. Dicha institución, lleva los registros genealógicos de todos los bovinos de pedigree del Uruguay. Dentro de las exigencias que se establecen al momento del registrar los animales, se encuentran la tipificación genética y verificación de ascendencia. La tipificación genética se realiza en función del análisis de marcadores moleculares microsátélites desde el año 2007.

Se realiza la tipificación y verificación de la ascendencia, al 5% de los bovinos inscriptos por cabaña y por raza. Además, ARU establece la obligatoriedad de analizar todos aquellos toros que sean utilizados como padres en las cabañas, los animales que concurren a exposiciones, y terneros que sean producto de transferencia embrionaria. En promedio, se realizan aproximadamente 4200 análisis de bovinos por año.

Los análisis de ADN se realizan generalmente a partir de muestras de pelos, siendo el servicio de genotipado realizado por una empresa privada contratada por ARU. Esta empresa brinda el servicio de tipificación y los perfiles de ADN son recibidos en ARU, donde se realizan los chequeos de ascendencia.

La base de datos de ARU también se compone de genotipos de animales importados, semen importando, padres y madres de embriones importados inscriptos en ARU. Estos genotipos son obtenidos en formato de certificados de ADN, desde los países de origen.

En este trabajo, se analizaron un total de 21.040 genotipos perteneciente a 15 razas bovinas (Tabla 4). Para el total de las razas, se analizó un conjunto de 12 marcadores STR (panel 1). Por otro lado, se analizó el panel 2 de 5 STR, para las razas Aberdeen Angus, Hereford y Holando.

Los marcadores STR en el Panel 1 son: BM1818, BM1824, BM2113, ETH3, ETH10, ETH225, INRA23, SPS115, TGLA53, TGLA122, TGLA126 y TGLA227.

En el caso del Panel 2, se incluyen los siguientes marcadores: RM067 CSRM60, MGTG4B, CSSM66, ILSTS006.

Estos marcadores están avalados y recomendados internacionalmente para el control de paternidad en bovinos (Sociedad Internacional de Genética Animal, 2017) y son utilizados para el control de genealogía de animales de pedigree en Uruguay. El panel de 12 STR es el mínimo recomendado por la ISAG para chequeos de paternidad en bovinos; en un inicio era el panel que se utilizaba en ARU para realizar los chequeos de ascendencia. Luego se incorporó el panel adicional de 5 STR que se utilizaba en caso de que los 12 STR no resultaran concluyentes. Desde hace algunos años, los 5 adicionales se incorporaron al panel básico de 12 y actualmente se amplifican los 17 STR para todos los animales que son analizados

en ARU. El panel 2 es evaluado solo para las razas Hereford, Holando y Aberdeen Angus, ya que al momento de extraer los datos de la base de datos de ARU, eran las que contaban con suficientes registros para esos marcadores.

En la Tabla 4 se detallan la cantidad de genotipos analizados por raza; las razas preparatorias Aberdeen Angus puro controlado, Braford controlado y Brangus preparatorio, fueron consideradas como razas diferentes a las puras correspondientes.

**Tabla 4:** Cantidad de genotipos analizados por raza.

<b>Raza</b>	<b>Cantidad de genotipos analizados</b>
Hereford	6.990
Holando	2.791
Aberdeen Angus	8.377
Aberdeen Angus puro controlado	758
Normando	333
Braford	91
Braford controlado	290
Brangus	69
Brangus preparatorio	228
Wagyu	168
Charolais	142
Shorthorn	108
Brahman	64
Jersey	425
Limousin	206
<b>TOTAL</b>	<b>21.040</b>

### **Análisis de datos de genotipados por STR**

Los genotipos fueron analizados con el programa Cervus 3.0 (www.fieldgenetics.com, Marshall y col., 1998; Kalinowski y col., 2007). Se calcularon los siguientes parámetros:

- a. Número de alelos por locus.
- b. Frecuencias alélicas.
  - Para cada marcador se calcula la frecuencia promedio ( $F_p$ ) como 1 (frecuencia total) sobre el número de alelos.
  - Se determinan frecuencias máximas ( $F_{ma}$ ) y mínimas ( $F_{mi}$ ).
- c. Heterocigosidad observada ( $H_o$ ).
- d. Heterocigosidad esperada ( $H_e$ )
- e. Contenido de información polimórfica (PIC).
- f. Probabilidad de exclusión (PE).
- g. Probabilidad de exclusión combinada (PEC).

La  $H_o$  se define como la frecuencia relativa de individuos heterocigotos observados en la muestra poblacional para cualquiera de los loci, calculándose por cómputo directo. Por el otro lado, la  $H_e$  es la probabilidad de que dos alelos tomados al azar de la población sean diferentes, la cual se calcula a partir de las frecuencias alélicas asumiendo que la población está en equilibrio Hardy-Weinberg y se calcula según la siguiente fórmula:

$$H_e = 1 - \sum_{i=1}^n p_i^2$$

donde  $p_i$  es la frecuencia del alelo  $i$  y  $n$  es el número de alelos (Nei, 1978).

El PIC es un parámetro que oscila entre 0 y 1 y evalúa la informatividad de un marcador en la población de acuerdo a las frecuencias alélicas. Para su cálculo se multiplica, la probabilidad de cada posible cruzamiento (estimado a partir de las frecuencias alélicas), por la probabilidad que sean informativos, es decir, que se pueda identificar de que progenitor procede el alelo. Se calcula según la siguiente fórmula:

$$PIC = 1 - \left( \sum_{i=1}^n p_i^2 \right) - \sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^n 2p_i^2 p_j^2$$

donde,  $p_i$  y  $p_j$ , son las frecuencias de los alelos  $i$  y  $j$ , en un total del  $n$  alelos (Botstein y col., 1980).

PE expresa la probabilidad de que la asignación errónea de un progenitor sea detectada por el análisis (Jamieson 1994). La probabilidad de exclusión se calcula para tres situaciones diferentes, que se pueden dar a la hora de realizar un chequeo de ascendencia (Jamieson y Taylor, 1997):

1. Dada una cría y un candidato (padre/madre), el genotipo del progenitor del sexo opuesto no está disponible (PE1p); la probabilidad de exclusión se expresa como:

$$P = 1 - 4 \sum_{i=1}^n p_i^2 + 2 \left( \sum_{i=1}^n p_i^2 \right)^2 + 4 \sum_{i=1}^n p_i^3 - 3 \sum_{i=1}^n p_i^4 \quad (\text{Jamieson y Taylor, 1997})$$

2. Dada una cría y un candidato (padre/madre), se cuenta con el genotipo del progenitor conocido del sexo opuesto (PE2p); la probabilidad de exclusión se expresa como:

$$P = 1 - 2 \sum_{i=1}^n p_i^2 + \sum_{i=1}^n p_i^3 + 2 \sum_{i=1}^n p_i^4 - 3 \sum_{i=1}^n p_i^5 - 2 \left( \sum_{i=1}^n p_i^2 \right)^2 + 3 \sum_{i=1}^n p_i^2 \sum_{i=1}^n p_i^3 \quad (\text{Jamieson, 1994})$$

3. Dado una cría y una pareja de candidatos, ambos excluyen (PEpp). En este caso la probabilidad de exclusión se expresa como:

$$P = 1 + 4 \sum_{i=1}^n p_i^4 - 4 \sum_{i=1}^n p_i^5 - 3 \sum_{i=1}^n p_i^6 - 8 \left( \sum_{i=1}^n p_i^2 \right)^2 + 8 \left( \sum_{i=1}^n p_i^2 \right) \left( \sum_{i=1}^n p_i^3 \right) + 2 \left( \sum_{i=1}^n p_i^3 \right)^2$$

(Jamieson y col., 1997)

El programa calcula la probabilidad de exclusión en las tres situaciones: PE1p, PE2p y PEpp. PE1p es la probabilidad de descartar un candidato (padre/madre) no relacionado a la cría en cuestión, contando únicamente con el genotipo de ambos animales (cría y candidato). La PE2p, expresa la probabilidad de excluir un candidato no relacionado, contando con el genotipo del progenitor conocido del sexo opuesto. Por último, la PEpp es la probabilidad de excluir una pareja de candidatos (padre y madre), no relacionada con la cría en cuestión.

Por otro lado, se calcula la PE combinada (PEC), para el conjunto de marcadores analizados, según la siguiente fórmula:

$$P = 1 - (1 - P_1) (1 - P_2) (1 - P_3) \dots\dots (1 - P_k)$$

donde  $P_1, P_2, P_3 \dots P_k$  son las probabilidades de exclusión de los  $k$  marcadores utilizados en el panel (Jamieson y Taylor, 1997; Marshall y col., 1998).

Se determinaron:

- PEC1p. Probabilidad de exclusión combinada para un padre/madre. Expresa la probabilidad media de que el conjunto de loci, excluya un padre/madre candidato sin relación de parentesco, cuando se desconoce el genotipo del otro progenitor.
- PEC2p. Probabilidad de exclusión combinada para un padre/madre, contando con el genotipo del progenitor conocido del sexo opuesto. Es la probabilidad media de que el conjunto de loci, excluya un candidato parental sin relación de parentesco, cuando se conoce el genotipo del progenitor del sexo opuesto.
- PECpp. Probabilidad de exclusión combinada para una pareja de candidatos. Es la probabilidad media de que el conjunto de loci, excluya una pareja de candidatos sin relación de parentesco.

Para las razas Hereford, Aberdeen Angus y Holando, se calcularon la PEC para el panel 1 y para ambos paneles juntos (panel 1 + panel 2).

## RESULTADOS

### Parámetros determinados para la evaluación del Panel 1

En la Tabla 5 se detallan las frecuencias alélicas promedio, máximas y mínimas para los marcadores del panel 1 en las diferentes razas analizadas. Las frecuencias alélicas por raza se detallan en el **Anexo 1**.

**Tabla 5:** Frecuencias alélicas promedio (Fp), máximas (Fma) y mínimas (Fmi) para los marcadores del panel 1 en las diferentes razas analizadas.

		He	Ho	Aa	Aa pc
<b>BM1824</b>	<i>n</i>	6984	2763	8371	758
	<i>Fp</i>	0,2000	0,1666	0,1429	0,2000
	<i>Fma</i>	0,5116 (182)	0,3809 (188)	0,3935 (178)	0,3555 (178)
	<i>Fmi</i>	0,0273 (180)	0,0002 (184)	0,0001 (192)	0,0033 (190)
<b>BM2113</b>	<i>n</i>	6939	2760	8297	756
	<i>Fp</i>	0,0999	0,0909	0,1000	0,1111
	<i>Fma</i>	0,3476 (139)	0,3641 (135)	0,2919 (135)	0,3472 (135)
	<i>Fmi</i>	0,0002 (143)	0,0002 (121; 141; 143)	0,0001 (143)	0,0007 (121)
<b>ETH10</b>	<i>n</i>	6951	2774	8325	756
	<i>Fp</i>	0,1111	0,1111	0,1250	0,1250
	<i>Fma</i>	0,4936 (221)	0,5258 (219)	0,5216 (217)	0,4974 (217)
	<i>Fmi</i>	0,0001 (209; 211)	0,0002 (211)	0,0001 (211; 225)	0,0013 (211; 225)
<b>ETH225</b>	<i>n</i>	6985	2769	8372	757
	<i>Fp</i>	0,1428	0,1111	0,1111	0,1429
	<i>Fma</i>	0,4009 (148)	0,3852 (150)	0,2761 (150)	0,2939 (148)
	<i>Fmi</i>	0,0001 (142)	0,0004 (162)	0,0001 (152; 160)	0,0013 (152)
<b>INRA23</b>	<i>n</i>	6972	2779	8345	758
	<i>Fp</i>	0,0909	0,1000	0,0909	0,1250
	<i>Fma</i>	0,6421 (214)	0,2755 (210)	0,4625 (206)	0,4241 (206)
	<i>Fmi</i>	0,0001 (198; 204; 218)	0,0002 (216)	0,0001 (218)	0,0026 (212)
<b>SPS115</b>	<i>n</i>	6892	2754	8279	753
	<i>Fp</i>	0,1000	0,1250	0,0909	0,1111
	<i>Fma</i>	0,3237 (260)	0,6129 (248)	0,5173 (248)	0,4608 (248)
	<i>Fmi</i>	0,0001 (261)	0,0005 (246)	0,0001 (244; 262)	0,0007 (262)
<b>TGLA122</b>	<i>n</i>	6984	2782	8364	758
	<i>Fp</i>	0,0555	0,0555	0,0556	0,0714
	<i>Fma</i>	0,4859 (143)	0,3134 (143)	0,6155 (151)	0,6273 (151)
	<i>Fmi</i>	0,0001 (137; 155; 173)	0,0002 (145; 167; 169)	0,0001 (163; 165; 169; 173; 175; 179; 181)	0,0007 (145; 171)
<b>TGLA126</b>	<i>n</i>	6966	2778	8342	758
	<i>Fp</i>	0,1429	0,1429	0,1111	0,1667
	<i>Fma</i>	0,4601 (117)	0,5243 (117)	0,3939 (115)	0,3582 (115)
	<i>Fmi</i>	0,0001 (125)	0,0004 (125)	0,0001 (109)	0,0053 (119)
<b>TGLA227</b>	<i>n</i>	6669	2684	8099	740
	<i>Fp</i>	0,0769	0,0714	0,0833	0,0909
	<i>Fma</i>	0,3970 (91)	0,2729 (97)	0,2586 (89)	0,2824 (89)
	<i>Fmi</i>	0,0001 (99; 103)	0,0002 (77; 79)	0,0001 (79; 101)	0,0014 (79)
<b>BM1818</b>	<i>n</i>	3699	1149	4124	349
	<i>Fp</i>	0,1250	0,1428	0,1000	0,1428
	<i>Fma</i>	0,5742 (266)	0,4395 (266)	0,4071 (266)	0,3983 (266)
	<i>Fmi</i>	0,0003 (256)	0,003 (260)	0,0001 (256)	0,0014 (272)
<b>ETH3</b>	<i>n</i>	6937	2690	7959	758
	<i>Fp</i>	0,1000	0,1111	0,1000	0,1111
	<i>Fma</i>	0,5476 (117)	0,4288 (117)	0,4854 (117)	0,4479 (117)
	<i>Fmi</i>	0,0001 (103; 123; 131)	0,0009 (115)	0,0001 (103; 129)	0,0007 (103)
<b>TGLA53</b>	<i>n</i>	6769	2448	7722	745
	<i>Fp</i>	0,0668	0,0556	0,0625	0,0714
	<i>Fma</i>	0,3224 (160)	0,2661 (162)	0,4602 (160)	0,4785 (160)
	<i>Fmi</i>	0,0001 (182; 188)	0,0002 (174)	0,0001 (184; 186)	0,0007 (166)

	Raza	No	Bf	Bf c	Ba
<b>BM1824</b>	<i>n</i>	333	91	289	69
	<i>Fp</i>	0,2000	0,1666	0,1666	0,2500
	<i>Fma</i>	0,3423 (188)	0,3571 (182)	0,4135 (182)	0,4855 (178)
	<i>Fmi</i>	0,0015 (190)	0,0275 (192)	0,0087 (190)	0,0870 (188)
<b>BM2113</b>	<i>n</i>	331	91	290	69
	<i>Fp</i>	0,1111	0,1250	0,1000	0,1250
	<i>Fma</i>	0,3293 (135)	0,2363 (139)	0,2603 (135)	0,3913 (135)
	<i>Fmi</i>	0,0015 (121)	0,0165 (133)	0,0034 (143)	0,0072 (143)
<b>ETH10</b>	<i>n</i>	329	91	288	69
	<i>Fp</i>	0,1250	0,1428	0,1428	0,1250
	<i>Fma</i>	0,617 (217)	0,3681 (209)	0,2153 (219)	0,3072 (217)
	<i>Fmi</i>	0,0015 (211)	0,0110 (217)	0,0573 (215)	0,0072 (223)
<b>ETH225</b>	<i>n</i>	330	87	287	69
	<i>Fp</i>	0,1667	0,1250	0,1000	0,1250
	<i>Fma</i>	0,2606 (144)	0,2586 (148)	0,2317 (148)	0,2971 (160)
	<i>Fmi</i>	0,0015(142)	0,0057 (160)	0,0035 (158)	0,0507 (146; 154; 158)
<b>INRA23</b>	<i>n</i>	332	91	289	67
	<i>Fp</i>	0,0909	0,1250	0,1000	0,1429
	<i>Fma</i>	0,253 (208)	0,7363 (214)	0,4862 (214)	0,3507 (206)
	<i>Fmi</i>	0,003 (202)	0,0055 (196)	0,0017 (200)	0,0299 (194)
<b>SPS115</b>	<i>n</i>	332	91	288	69
	<i>Fp</i>	0,1667	0,1429	0,1250	0,1250
	<i>Fma</i>	0,3825 (248)	0,2802 (248)	0,3299 (260)	0,4348 (248)
	<i>Fmi</i>	0,0015 (250)	0,0275 (250)	0,0139 (246)	0,0145 (244)
<b>TGLA122</b>	<i>n</i>	332	90	286	67
	<i>Fp</i>	0,0833	0,1111	0,0769	0,0833
	<i>Fma</i>	0,2831 (151)	0,2722 (143)	0,3112 (143)	0,4776 (151)
	<i>Fmi</i>	0,0015 (147; 149)	0,0056 (167; 183)	0,0017 (145; 157; 167)	0,0075 (145; 153; 155; 167; 173)
<b>TGLA126</b>	<i>n</i>	330	91	288	69
	<i>Fp</i>	0,1667	0,1667	0,1250	0,1428
	<i>Fma</i>	0,4864 (115)	0,3352 (115)	0,3750 (115)	0,3623 (117)
	<i>Fmi</i>	0,0061 (113)	0,0055 (125)	0,0104 (113)	0,0362 (113)
<b>TGLA227</b>	<i>n</i>	328	91	287	67
	<i>Fp</i>	0,1000	0,1000	0,0909	0,1429
	<i>Fma</i>	0,314 (97)	0,2253 (83)	0,2195 (77)	0,3209 (77)
	<i>Fmi</i>	0,0046 (79)	0,0055 (79; 95; 97)	0,0017 (85)	0,0075 (91)
<b>BM1818</b>	<i>n</i>	182	89	142	29
	<i>Fp</i>	0,1428	0,1666	0,1250	0,1429
	<i>Fma</i>	0,4148 (266)	0,3202 (266)	0,4085 (266)	0,3793 (266)
	<i>Fmi</i>	0,0082 (260; 270)	0,0225 (264)	0,0035 (258; 272)	0,0345 (258; 276)
<b>ETH3</b>	<i>n</i>	297	79	260	66
	<i>Fp</i>	0,1111	0,1428	0,1250	0,1250
	<i>Fma</i>	0,4428 (117)	0,4620 (115)	0,5673 (117)	0,4091 (117)
	<i>Fmi</i>	0,0017 (115)	0,0063 (121)	0,0019 (113)	0,0076 (101; 127)
<b>TGLA53</b>	<i>n</i>	294	79	260	66
	<i>Fp</i>	0,0833	0,1250	0,0769	0,0909
	<i>Fma</i>	0,2959 (160)	0,3165 (168)	0,3538 (160)	0,3106 (160)
	<i>Fmi</i>	0,0017 (182; 190)	0,0190 (176; 182)	0,0019 (174; 182)	0,0076 (172; 174)

	<b>Raza</b>	<b>Ba p</b>	<b>Wa</b>	<b>Ch</b>	<b>Sh</b>
<b>BM1824</b>	<i>n</i>	228	168	141	108
	<i>Fp</i>	0,2000	0,2500	0,2000	0,2500
	<i>Fma</i>	0,4759 (178)	0,4018 (188)	0,4184 (182)	0,7361 (182)
	<i>Fmi</i>	0,0022 (190)	0,1190 (178)	0,0035 (190)	0,0509 (180)
<b>BM2113</b>	<i>n</i>	227	168	140	108
	<i>Fp</i>	0,0833	0,1667	0,1111	0,1667
	<i>Fma</i>	0,3326 (135)	0,3571 (139)	0,2000 (125)	0,4120 (137)
	<i>Fmi</i>	0,0022 (123)	0,0179 (131)	0,0071 (143)	0,0185 (135; 139)
<b>ETH10</b>	<i>n</i>	228	167	141	108
	<i>Fp</i>	0,1250	0,1667	0,2500	0,1250
	<i>Fma</i>	0,2763 (213)	0,6228 (225)	0,8972 (217)	0,5093 (217)
	<i>Fmi</i>	0,0044 (223)	0,0060 (221)	0,0106 (221)	0,0093 (223)
<b>ETH225</b>	<i>n</i>	226	166	140	108
	<i>Fp</i>	0,1111	0,1667	0,2000	0,2000
	<i>Fma</i>	0,2699 (160)	0,3795 (150)	0,4571 (150)	0,4861 (150)
	<i>Fmi</i>	0,0022 (158)	0,0030 (162)	0,0429 (146)	0,0046 (146)
<b>INRA23</b>	<i>n</i>	227	165	140	108
	<i>Fp</i>	0,0909	0,1111	0,1000	0,1250
	<i>Fma</i>	0,2952 (206)	0,4273 (198)	0,3286 (206)	0,3796 (202)
	<i>Fmi</i>	0,0088 (198; 200)	0,0030 (202; 204; 210)	0,0036 (194)	0,0046 (212)
<b>SPS115</b>	<i>n</i>	227	166	139	108
	<i>Fp</i>	0,1000	0,1667	0,1667	0,3333
	<i>Fma</i>	0,3172 (254)	0,3494 (248)	0,6223 (248)	0,6620 (248)
	<i>Fmi</i>	0,0022 (244)	0,0361 (252)	0,0036 (261)	0,0093 (252)
<b>TGLA122</b>	<i>n</i>	227	168	142	108
	<i>Fp</i>	0,0667	0,1667	0,1000	0,1428
	<i>Fma</i>	0,4405 (151)	0,4167 (151)	0,3979 (143)	0,6620 (143)
	<i>Fmi</i>	0,0022 (141; 167; 175)	0,0030 (165)	0,0035 (155)	0,0046 (147; 153; 155)
<b>TGLA126</b>	<i>n</i>	227	168	141	107
	<i>Fp</i>	0,1250	0,2000	0,2000	0,1667
	<i>Fma</i>	0,2467 (117)	0,4315 (115)	0,4894 (115)	0,4720 (115)
	<i>Fmi</i>	0,0044 (127)	0,0149 (119)	0,0106 (119)	0,0093 (119)
<b>TGLA227</b>	<i>N</i>	225	166	137	107
	<i>Fp</i>	0,0833	0,1667	0,1000	0,1429
	<i>Fma</i>	0,2378 (77)	0,4759 (81)	0,3504 (89)	0,5187 (89)
	<i>Fmi</i>	0,0022 (85; 99)	0,0693 (93)	0,0073 (93)	0,0047 (77; 97)
<b>BM1818</b>	<i>n</i>	158	89	73	46
	<i>Fp</i>	0,1111	0,2000	0,1428	0,1667
	<i>Fma</i>	0,4241 (266)	0,5112 (266)	0,4041 (266)	0,3370 (262)
	<i>Fmi</i>	0,0032 (272)	0,0056 (270)	0,0068 (260)	0,0109 (264; 268)
<b>ETH3</b>	<i>n</i>	194	141	125	105
	<i>Fp</i>	0,1250	0,2500	0,1429	0,1667
	<i>Fma</i>	0,4485 (117)	0,3546 (119)	0,4720 (117)	0,7571 (121)
	<i>Fmi</i>	0,0052 (101; 127)	0,1525 (121)	0,0120 (115)	0,0048 (123)
<b>TGLA53</b>	<i>n</i>	187	149	118	101
	<i>Fp</i>	0,0714	0,0834	0,0909	0,1250
	<i>Fma</i>	0,2701 (176)	0,3490 (160)	0,2627 (160)	0,2475 (162)
	<i>Fmi</i>	0,0027 (174; 180)	0,0034 (176; 178; 182)	0,0042 (184)	0,0099 (160)

	Raza	Bh	Je	Li
<b>BM1824</b>	<i>n</i>	63	416	206
	<i>Fp</i>	0,2000	0,1999	0,2500
	<i>Fma</i>	0,5000 (180)	0,6550 (180)	0,4757 (188)
	<i>Fmi</i>	0,0238 (188)	0,0300 (178)	0,0097 (182)
<b>BM2113</b>	<i>n</i>	64	423	202
	<i>Fp</i>	0,1111	0,1429	0,1111
	<i>Fma</i>	0,3828 (141)	0,6667 (135)	0,2896 (131)
	<i>Fmi</i>	0,0078 (131; 133; 137)	0,0012 (131)	0,0025 (125; 141)
<b>ETH10</b>	<i>n</i>	63	424	206
	<i>Fp</i>	0,1667	0,2000	0,1429
	<i>Fma</i>	0,3492 (209)	0,4210 (217)	0,2694 (217)
	<i>Fmi</i>	0,0079 (217)	0,0236 (223)	0,0316 (213)
<b>ETH225</b>	<i>n</i>	64	422	205
	<i>Fp</i>	0,1417	0,1667	0,2000
	<i>Fma</i>	0,8047 (160)	0,3626 (150)	0,4073 (140)
	<i>Fmi</i>	0,0078 (142; 150)	0,0012 (152)	0,0195 (146)
<b>INRA23</b>	<i>n</i>	64	424	204
	<i>Fp</i>	0,1111	0,0833	0,1250
	<i>Fma</i>	0,3516 (214)	0,3679 (198)	0,3456 (208)
	<i>Fmi</i>	0,0156 (212)	0,0012 (202; 212; 216; 220; 222)	0,0049 (202)
<b>SPS115</b>	<i>n</i>	63	418	205
	<i>Fp</i>	0,1250	0,1250	0,1667
	<i>Fma</i>	0,4206 (248)	0,3923 (252)	0,5073 (248)
	<i>Fmi</i>	0,0079 (252; 258)	0,0012 (262)	0,0024 (258)
<b>TGLA122</b>	<i>n</i>	64	424	206
	<i>Fp</i>	0,1000	0,1111	0,1000
	<i>Fma</i>	0,3125 (151)	0,4764 (143)	0,3956 (151)
	<i>Fmi</i>	0,0078 (147)	0,0012 (147; 157; 171)	0,0097 (177)
<b>TGLA126</b>	<i>n</i>	63	423	205
	<i>Fp</i>	0,1667	0,2500	0,1667
	<i>Fma</i>	0,3333 (123)	0,6773 (117)	0,4805 (115)
	<i>Fmi</i>	0,0397 (121)	0,0343 (121)	0,0512 (125)
<b>TGLA227</b>	<i>n</i>	64	416	190
	<i>Fp</i>	0,2000	0,1000	0,1000
	<i>Fma</i>	0,6328 (77)	0,3774 (93)	0,3105 (89)
	<i>Fmi</i>	0,0078 (87)	0,0012 (85; 103)	0,0026 (101)
<b>BM1818</b>	<i>n</i>	13	170	98
	<i>Fp</i>	0,1667	0,1667	0,1428
	<i>Fma</i>	0,3462 (266)	0,5294 (266)	0,5459 (266)
	<i>Fmi</i>	0,0769 (262; 270)	0,0206 (268)	0,0051 (270)
<b>ETH3</b>	<i>n</i>	59	421	200
	<i>Fp</i>	0,2000	0,1667	0,1250
	<i>Fma</i>	0,4407 (115; 117)	0,7435 (117)	0,4800 (117)
	<i>Fmi</i>	0,0085 (109)	0,0012 (115)	0,0025 (115)
<b>TGLA53</b>	<i>n</i>	57	384	199
	<i>Fp</i>	0,1111	0,1111	0,0909
	<i>Fma</i>	0,4561 (160)	0,2943 (170)	0,3342 (160)
	<i>Fmi</i>	0,0088 (184)	0,0013 (186)	0,0201 (162; 174)

Para Fma y Fmi se presentan entre paréntesis los alelos que presentaron las frecuencias máximas y mínimas. n: número de individuos tipificados para cada marcador. Razas: He: Hereford; Ho: Holando; Aa: Aberdeen Angus; Aa pc: Aberdeen Angus puro controlado; No: Normando; Bf: Braford; Bf c: Braford controlado; Ba: Brangus; Ba p: Brangus preparatorio; Wa: Wagyu; Ch: Charolais; Sh: Shorthorn; Bh: Brahman; Je: Jersey; Li: Limousin.

En la Tabla 6 se presentan los resultados de número de alelos por locus, Ho, He y PIC para los marcadores del panel 1, para las razas analizadas.

El número de alelos por locus varió entre 4 (BM1824 en Brangus, Wagyu, Shorthorn y Limousin, ETH10 en Charolais, TGLA126 en Jersey y ETH3 en Wagyu) y 18 (TGLA122 en Hereford, Holando y Aberdeen Angus, TGLA53 en Holando). El número promedio de alelos por locus fue de 10,92 para Aberdeen Angus, 10,50 Holando, 10,25 Hereford, 10,08 Brangus preparatorio, 9,33 Braford controlado, 8,92 Aberdeen Angus puro controlado, 8,42 Normando, 7,92 Brangus, 7,58 Limousin, 7,50 Braford, 7,42 Charolais, 7,25 Jersey, 7,17 Brahman, 6,25 Wagyu y 6,17 en Shorthorn.

La Ho varió de 0,1915 (ETH10 en Charolais) a 0,9420 (ETH225 en Brangus); la Ho promedio fue de 0,7855 en Braford, 0,7787 en Brangus, 0,7720 en Braford controlado, 0,7605 en Brangus preparatorio, 0,7310 en Holando, 0,7264 en Normando, 0,7169 en Limousin, 0,7046 en Aberdeen Angus puro controlado, 0,7003 en Wagyu, 0,6837 en Brahman, 0,6952 en Aberdeen Angus, 0,6582 en Hereford, 0,6465 en Charolais, 0,6339 en Jersey y 0,6068 en Shorthorn.

La He varió de 0,1898 (ETH10 Charolais) a 0,8612 (TGLA227 Braford controlado); la He promedio fue de 0,7771 en Brangus preparatorio, 0,7761 en Braford controlado, 0,7637 en Brangus, 0,7528 en Braford, 0,7383 en Normando, 0,7355 en Holando, 0,7325 en Limousin, 0,7168 en Aberdeen Angus puro controlado, 0,7051 en Aberdeen Angus, 0,7031 en Wagyu, 0,6896 en Brahman, 0,6728 en Hereford, 0,6495 en Charolais, 0,6384 en Jersey y 0,6152 en Shorthorn.

Para el panel 1, el valor de PIC varió de 0,1795 (ETH10 Charolais) a 0,8442 (TGLA227 Braford controlado); el PIC promedio fue de 0,7464 en Braford controlado, 0,7444 en Brangus preparatorio, 0,7246 en Brangus, 0,7157 en Braford, 0,6983 en Normando, 0,6980 en Holando, 0,6926 en Limousin, 0,6768 en Aberdeen Angus puro controlado, 0,6637 en Aberdeen Angus, 0,6549 en Wagyu, 0,6424 en Brahman, 0,6222 en Hereford, 0,6166 en Charolais, 0,5937 en Jersey y 0,5620 en Shorthorn.

**Tabla 6:** Número de alelos por locus ( $n^{\circ}$  alelos), Heterocigosidad observada (Ho) y esperada (He) y contenido de información polimórfica (PIC) para los marcadores del panel 1 en las diferentes razas.

	Raza	He	Ho	Aa	Aa pc	No	Bf	Bf c
<b>BM1824</b>	<i>n° alelos</i>	5	6	7	5	5	6	6
	<i>Ho</i>	0,6326	0,7217	0,7051	0,7665	0,7027	0,7802	0,7059
	<i>He</i>	0,6446	0,7357	0,7112	0,7304	0,7275	0,7415	0,7206
	<i>PIC</i>	0,5909	0,6921	0,6593	0,6808	0,6762	0,6925	0,6746
<b>BM2113</b>	<i>n° alelos</i>	10	11	10	9	9	8	10
	<i>Ho</i>	0,7892	0,7406	0,7787	0,7434	0,7583	0,9121	0,8552
	<i>He</i>	0,7933	0,7510	0,7992	0,7861	0,8036	0,8466	0,8263
	<i>PIC</i>	0,7672	0,7116	0,7704	0,7567	0,7772	0,8224	0,8028
<b>ETH10</b>	<i>N° alelos</i>	9	9	8	8	8	7	7
	<i>Ho</i>	0,6598	0,6655	0,6514	0,6548	0,5714	0,7582	0,8333
	<i>He</i>	0,6619	0,6673	0,6491	0,6604	0,5646	0,7463	0,8378
	<i>PIC</i>	0,6110	0,6342	0,6025	0,6095	0,5205	0,7009	0,8149
<b>ETH225</b>	<i>n° alelos</i>	7	9	9	7	6	8	10
	<i>Ho</i>	0,7260	0,7003	0,7458	0,7741	0,7879	0,8391	0,8397
	<i>He</i>	0,7374	0,705	0,7668	0,7677	0,7816	0,8176	0,8387
	<i>PIC</i>	0,6982	0,6558	0,7268	0,7285	0,7441	0,7866	0,8165
<b>INRA23</b>	<i>n° alelos</i>	11	10	11	8	11	8	10
	<i>Ho</i>	0,5143	0,7776	0,6953	0,6913	0,8343	0,4286	0,7439
	<i>He</i>	0,5240	0,7675	0,7037	0,7264	0,8349	0,4433	0,7147
	<i>PIC</i>	0,4698	0,7273	0,6645	0,6871	0,8137	0,4221	0,6881
<b>SPS115</b>	<i>n° alelos</i>	10	8	11	9	6	7	8
	<i>Ho</i>	0,7512	0,594	0,6322	0,6467	0,6958	0,8352	0,7361
	<i>He</i>	0,7625	0,578	0,6417	0,6783	0,7199	0,8026	0,7661
	<i>PIC</i>	0,7240	0,5418	0,5896	0,6265	0,6711	0,7687	0,7308
<b>TGLA122</b>	<i>n° alelos</i>	18	18	18	14	12	9	13
	<i>Ho</i>	0,6880	0,8152	0,5666	0,558	0,7922	0,8111	0,8042
	<i>He</i>	0,7028	0,8143	0,5731	0,5636	0,7742	0,8065	0,8140
	<i>PIC</i>	0,6716	0,7920	0,5356	0,5283	0,7372	0,7730	0,7896
<b>TGLA126</b>	<i>n° alelos</i>	7	7	9	6	6	6	8
	<i>Ho</i>	0,6691	0,6055	0,6769	0,7243	0,6545	0,8352	0,7778
	<i>He</i>	0,6631	0,6107	0,6782	0,7133	0,6725	0,7258	0,7730
	<i>PIC</i>	0,6054	0,5459	0,6191	0,6629	0,6236	0,6712	0,7417
<b>TGLA227</b>	<i>n° alelos</i>	13	14	12	11	10	10	11
	<i>Ho</i>	0,7244	0,8126	0,7890	0,7784	0,7866	0,8242	0,8537
	<i>He</i>	0,7581	0,8338	0,8098	0,8106	0,8111	0,8455	0,8612
	<i>PIC</i>	0,7273	0,8138	0,7830	0,7837	0,7858	0,8210	0,8442
<b>BM1818</b>	<i>n° alelos</i>	8	7	10	7	7	6	8
	<i>Ho</i>	0,5477	0,6197	0,7110	0,7278	0,6374	0,8202	0,7606
	<i>He</i>	0,5670	0,6192	0,7247	0,7344	0,665	0,7722	0,7465
	<i>PIC</i>	0,4981	0,5442	0,6825	0,693	0,6025	0,7308	0,7098
<b>ETH3</b>	<i>n° alelos</i>	10	9	10	9	9	7	8
	<i>Ho</i>	0,4934	0,7033	0,6792	0,6821	0,7306	0,7215	0,5846
	<i>He</i>	0,5094	0,6958	0,6787	0,7078	0,6861	0,6850	0,6100
	<i>PIC</i>	0,3949	0,6449	0,6346	0,666	0,6337	0,6317	0,5623
<b>TGLA53</b>	<i>n° alelos</i>	15	18	16	14	12	8	13
	<i>Ho</i>	0,7026	0,8068	0,7108	0,7074	0,7653	0,8608	0,7692
	<i>He</i>	0,7494	0,8444	0,7254	0,7227	0,8185	0,8005	0,8044
	<i>PIC</i>	0,7084	0,8267	0,6961	0,6983	0,7938	0,7673	0,7809

	Raza	Ba	Ba p	Wa	Ch	Sh	Bh	Je	Li
<b>BM1824</b>	<i>n° alelos</i>	4	5	4	5	4	5	5	4
	<i>Ho</i>	0,7536	0,6535	0,6131	0,8014	0,4259	0,5873	0,5313	0,6456
	<i>He</i>	0,6448	0,6382	0,7035	0,7155	0,4345	0,6406	0,5329	0,6370
	<i>PIC</i>	0,5776	0,5710	0,6480	0,6654	0,4043	0,5755	0,4982	0,5649
<b>BM2113</b>	<i>n° alelos</i>	8	12	6	9	6	9	7	9
	<i>Ho</i>	0,6812	0,7797	0,7143	0,8429	0,6759	0,7344	0,5414	0,7723
	<i>He</i>	0,7747	0,8126	0,7504	0,8539	0,6753	0,7505	0,5198	0,8058
	<i>PIC</i>	0,7409	0,7892	0,7073	0,8327	0,6127	0,7070	0,4863	0,7765
<b>ETH10</b>	<i>N° alelos</i>	8	8	6	4	8	6	5	7
	<i>Ho</i>	0,8406	0,8289	0,5808	0,1915	0,6944	0,6984	0,7099	0,7718
	<i>He</i>	0,8172	0,8247	0,5538	0,1898	0,6684	0,7267	0,7178	0,7886
	<i>PIC</i>	0,7886	0,7999	0,5046	0,1795	0,6245	0,6717	0,6722	0,7544
<b>ETH225</b>	<i>n° alelos</i>	8	9	6	5	5	8	6	5
	<i>Ho</i>	0,9420	0,8186	0,7289	0,6286	0,6204	0,3125	0,7393	0,6829
	<i>He</i>	0,8284	0,8264	0,6905	0,6872	0,6109	0,3442	0,7087	0,7177
	<i>PIC</i>	0,8007	0,8014	0,6295	0,6358	0,5322	0,3274	0,6528	0,6684
<b>INRA23</b>	<i>n° alelos</i>	7	11	9	10	8	9	12	8
	<i>Ho</i>	0,7761	0,8370	0,7758	0,7643	0,7222	0,8594	0,7618	0,7598
	<i>He</i>	0,7502	0,7886	0,7327	0,7981	0,7475	0,8068	0,7583	0,7595
	<i>PIC</i>	0,7063	0,7569	0,6941	0,7691	0,7047	0,7776	0,7225	0,7187
<b>SPS115</b>	<i>n° alelos</i>	8	10	6	6	3	8	8	6
	<i>Ho</i>	0,5652	0,7004	0,7831	0,5755	0,4444	0,7302	0,7225	0,5805
	<i>He</i>	0,7341	0,7683	0,7468	0,5716	0,4557	0,7351	0,7218	0,6460
	<i>PIC</i>	0,6937	0,7309	0,7027	0,5351	0,3588	0,6910	0,6728	0,5913
<b>TGLA122</b>	<i>N° alelos</i>	12	15	6	10	7	10	9	10
	<i>Ho</i>	0,7910	0,7269	0,7202	0,7887	0,4444	0,8281	0,6675	0,7670
	<i>He</i>	0,7218	0,7199	0,6953	0,7611	0,4946	0,8291	0,6985	0,7796
	<i>PIC</i>	0,6891	0,6812	0,6379	0,7291	0,4311	0,8022	0,6600	0,7540
<b>TGLA126</b>	<i>n° alelos</i>	7	8	5	5	6	6	4	6
	<i>Ho</i>	0,7101	0,8282	0,7202	0,6596	0,6262	0,7619	0,4586	0,7073
	<i>He</i>	0,7811	0,8320	0,6873	0,6506	0,6641	0,7699	0,4764	0,6983
	<i>PIC</i>	0,7453	0,8079	0,6291	0,5882	0,6027	0,7267	0,4155	0,6602
<b>TGLA227</b>	<i>n° alelos</i>	7	12	6	10	7	5	10	10
	<i>Ho</i>	0,7164	0,8356	0,6807	0,7518	0,7009	0,5938	0,6923	0,7842
	<i>He</i>	0,7668	0,8253	0,7158	0,7919	0,6438	0,5514	0,7230	0,7902
	<i>PIC</i>	0,7216	0,7997	0,6840	0,7621	0,5894	0,5040	0,6757	0,7579
<b>BM1818</b>	<i>n° alelos</i>	7	9	5	7	6	6	6	7
	<i>Ho</i>	0,7586	0,7595	0,5730	0,6986	0,7174	0,9231	0,6294	0,6327
	<i>He</i>	0,7695	0,7506	0,6232	0,726	0,7456	0,8000	0,6452	0,6447
	<i>PIC</i>	0,7219	0,7187	0,5526	0,6768	0,6911	0,7360	0,5977	0,6034
<b>ETH3</b>	<i>n° alelos</i>	8	8	4	7	6	5	6	8
	<i>Ho</i>	0,8030	0,7629	0,7305	0,696	0,4571	0,5085	0,4181	0,705
	<i>He</i>	0,7647	0,7225	0,7307	0,6948	0,4104	0,6106	0,4096	0,6909
	<i>PIC</i>	0,7303	0,6856	0,6784	0,651	0,3873	0,5252	0,3666	0,6482
<b>TGLA53</b>	<i>n° alelos</i>	11	14	12	11	8	9	9	11
	<i>Ho</i>	0,7879	0,8128	0,8121	0,7966	0,7525	0,6667	0,7344	0,7940
	<i>He</i>	0,8107	0,8162	0,7947	0,8512	0,8315	0,7104	0,7489	0,8317
	<i>PIC</i>	0,7795	0,7901	0,7657	0,8306	0,8052	0,6641	0,7044	0,8138

Razas: He: Hereford; Ho: Holando; Aa: Aberdeen Angus; Aa pc: Aberdeen Angus puro controlado; No: Normando; Bf: Braford; Bf c: Braford controlado; Ba: Brangus; Ba p: Brangus preparatorio; Wa: Wagyu; Ch: Charolais; Sh: Shorthorn; Bh: Brahman; Je: Jersey; Li: Limousin.

En la Tabla 7 se presentan para cada raza, las probabilidades de exclusión (PE1p, PE2p y PEpp) para cada uno de los marcadores del panel 1, y las probabilidades de exclusión combinada (PEC1p, PEC2p y PECpp), para el total de los 12 STR de dicho panel.

**Tabla 7:** Probabilidad de exclusión individual (PE1p, PE2p, PEpp) y combinada (PEC1p, PEC2p y PECpp) de los marcadores del panel 1, en las diferentes razas.

	Raza	He	Ho	Aa	Aa pc	No	Bf	Bf c
<b>BM1824</b>	PE 1p	0,2273	0,3236	0,2859	0,3069	0,3025	0,3238	0,3070
	PE 2p	0,3915	0,5004	0,4568	0,4806	0,4752	0,4994	0,4830
	PE pp	0,5661	0,6822	0,6311	0,6555	0,6497	0,6793	0,6662
<b>BM2113</b>	PE 1p	0,4286	0,3489	0,4289	0,4112	0,4425	0,5141	0,4854
	PE 2p	0,6073	0,5272	0,6065	0,5907	0,6200	0,6830	0,6576
	PE pp	0,7948	0,7118	0,7884	0,7776	0,8048	0,8540	0,8354
<b>ETH10</b>	PE 1p	0,2446	0,2722	0,2370	0,2432	0,1760	0,3379	0,4998
	PE 2p	0,4130	0,4547	0,4082	0,4119	0,3381	0,5146	0,6709
	PE pp	0,5917	0,6571	0,5912	0,5909	0,5176	0,6992	0,8429
<b>ETH225</b>	PE 1p	0,3333	0,2948	0,3619	0,3658	0,3844	0,4523	0,5046
	PE 2p	0,5127	0,4651	0,5400	0,5442	0,5633	0,6284	0,6747
	PE pp	0,6999	0,6499	0,7186	0,7245	0,7420	0,8071	0,8470
<b>INRA23</b>	PE 1p	0,1398	0,3629	0,2987	0,3237	0,5036	0,1089	0,3341
	PE 2p	0,2832	0,5407	0,4781	0,5028	0,6732	0,2677	0,5213
	PE pp	0,4361	0,7190	0,6701	0,6932	0,8488	0,4439	0,7306
<b>SPS115</b>	PE 1p	0,3628	0,1888	0,2286	0,2624	0,3042	0,4258	0,3810
	PE 2p	0,5410	0,3603	0,3936	0,4306	0,4771	0,6034	0,5591
	PE pp	0,7235	0,5491	0,5718	0,6115	0,6584	0,7849	0,7485
<b>TGLA122</b>	PE 1p	0,3114	0,4699	0,1853	0,1797	0,3829	0,4315	0,4658
	PE 2p	0,4955	0,6440	0,3546	0,3497	0,5604	0,6087	0,6401
	PE pp	0,6984	0,8274	0,5417	0,5381	0,7437	0,7890	0,8232
<b>TGLA126</b>	PE 1p	0,2448	0,2020	0,2558	0,2960	0,2564	0,3022	0,3940
	PE 2p	0,4065	0,3504	0,4176	0,4671	0,4280	0,4729	0,5746
	PE pp	0,5818	0,5180	0,5910	0,6471	0,6106	0,6495	0,7647
<b>TGLA227</b>	PE 1p	0,3768	0,5033	0,4468	0,4485	0,4569	0,5113	0,5604
	PE 2p	0,5575	0,6732	0,6235	0,6250	0,6326	0,6806	0,7206
	PE pp	0,7517	0,8487	0,8031	0,8048	0,8156	0,8517	0,8841
<b>BM1818</b>	PE 1p	0,1707	0,2064	0,3192	0,3298	0,2477	0,3712	0,3525
	PE 2p	0,3075	0,3460	0,4956	0,5076	0,4058	0,5498	0,5336
	PE pp	0,4648	0,5082	0,6831	0,6951	0,5820	0,7323	0,7272
<b>ETH3</b>	PE 1p	0,1300	0,2771	0,2695	0,3011	0,2709	0,2698	0,2069
	PE 2p	0,2062	0,4474	0,4442	0,4785	0,4395	0,4398	0,3728
	PE pp	0,3111	0,6271	0,6326	0,6684	0,6218	0,6249	0,5546
<b>TGLA53</b>	PE 1p	0,3468	0,5270	0,3388	0,3454	0,4683	0,4267	0,4526
	PE 2p	0,5232	0,6932	0,5234	0,5327	0,6428	0,6045	0,6299
	PE pp	0,7068	0,8649	0,7251	0,7420	0,8231	0,7888	0,8181
	<b>PEC1p</b>	<b>0,9813799</b>	<b>0,9933406</b>	<b>0,9881543</b>	<b>0,9904600</b>	<b>0,9950487</b>	<b>0,9968895</b>	<b>0,9985432</b>
	<b>PEC2p</b>	<b>0,9992191</b>	<b>0,9998304</b>	<b>0,9996518</b>	<b>0,9997484</b>	<b>0,9998917</b>	<b>0,9999453</b>	<b>0,9999814</b>
	<b>PECpp</b>	<b>0,9999942</b>	<b>0,9999995</b>	<b>0,9999985</b>	<b>0,9999991</b>	<b>0,9999997</b>	<b>0,9999999</b>	<b>0,9999999</b>

Razas: He: Hereford; Ho: Holando; Aa: Aberdeen Angus; Aa pc: Aberdeen Angus puro controlado; No: Normando; Bf: Braford; Bf c: Braford controlado; Ba: Brangus; Ba p: Brangus preparatorio; Wa: Wagyu; Ch: Charolais; Sh: Shorthorn; Bh: Brahman; Je: Jersey; Li: Limousin

	Raza	Ba	Ba p	Wa	Ch	Sh	Bh	Je	Li
<b>BM1824</b>	<i>PE 1p</i>	0,2216	0,2184	0,2787	0,2920	0,0985	0,2221	0,1560	0,2054
	<i>PE 2p</i>	0,3768	0,3699	0,4482	0,4668	0,2453	0,3785	0,3215	0,3529
	<i>PE pp</i>	0,5460	0,5368	0,6235	0,6456	0,4026	0,5516	0,5024	0,5068
<b>BM2113</b>	<i>PE 1p</i>	0,3916	0,4661	0,3451	0,5322	0,2529	0,3489	0,1493	0,4393
	<i>PE 2p</i>	0,5736	0,6411	0,5226	0,6982	0,4133	0,5271	0,3130	0,6162
	<i>PE pp</i>	0,7665	0,8265	0,7061	0,8651	0,5880	0,7166	0,4934	0,7980
<b>ETH10</b>	<i>PE 1p</i>	0,4610	0,4758	0,1671	0,0180	0,2656	0,3034	0,3017	0,4064
	<i>PE 2p</i>	0,6373	0,6498	0,3238	0,0955	0,4409	0,4753	0,4780	0,5840
	<i>PE pp</i>	0,8209	0,8275	0,4972	0,1734	0,6364	0,6540	0,6605	0,7669
<b>ETH225</b>	<i>PE 1p</i>	0,4802	0,4769	0,2647	0,2707	0,1950	0,0629	0,2808	0,2975
	<i>PE 2p</i>	0,6535	0,6510	0,4284	0,4416	0,3323	0,1954	0,4486	0,4715
	<i>PE pp</i>	0,8329	0,8276	0,5997	0,6249	0,4896	0,3391	0,6207	0,6511
<b>INRA23</b>	<i>PE 1p</i>	0,3508	0,4143	0,3359	0,4342	0,3439	0,4468	0,3668	0,3560
	<i>PE 2p</i>	0,5278	0,5917	0,5166	0,6112	0,5214	0,6245	0,5461	0,5343
	<i>PE pp</i>	0,7180	0,7780	0,7092	0,7987	0,7082	0,8126	0,7353	0,7172
<b>SPS115</b>	<i>PE 1p</i>	0,3342	0,3767	0,3421	0,1834	0,1029	0,3290	0,3006	0,2336
	<i>PE 2p</i>	0,5149	0,5545	0,5184	0,3552	0,1841	0,5079	0,4745	0,3974
	<i>PE pp</i>	0,7097	0,7404	0,7022	0,5443	0,2818	0,6985	0,6523	0,5775
<b>TGLA122</b>	<i>PE 1p</i>	0,3326	0,3236	0,2704	0,3832	0,1255	0,4849	0,2944	0,4145
	<i>PE 2p</i>	0,5185	0,5022	0,4375	0,5634	0,2535	0,6579	0,4750	0,5959
	<i>PE pp</i>	0,7243	0,6981	0,6116	0,7604	0,3963	0,8386	0,6691	0,7918
<b>TGLA126</b>	<i>PE 1p</i>	0,3970	0,4882	0,2628	0,2239	0,2375	0,3684	0,1159	0,2969
	<i>PE 2p</i>	0,5769	0,6606	0,4287	0,3827	0,3989	0,5466	0,2405	0,4778
	<i>PE pp</i>	0,7661	0,8354	0,6019	0,5493	0,5692	0,7308	0,3778	0,6744
<b>TGLA227</b>	<i>PE 1p</i>	0,3589	0,4752	0,3226	0,4224	0,2306	0,1615	0,3114	0,4137
	<i>PE 2p</i>	0,5366	0,6486	0,5084	0,6010	0,3958	0,3209	0,4845	0,5914
	<i>PE pp</i>	0,7179	0,8251	0,7105	0,7893	0,5764	0,4943	0,6677	0,7763
<b>BM1818</b>	<i>PE 1p</i>	0,3667	0,3638	0,1992	0,3112	0,3208	0,3832	0,2360	0,2415
	<i>PE 2p</i>	0,5462	0,5473	0,3475	0,4866	0,4957	0,5627	0,4068	0,4187
	<i>PE pp</i>	0,7362	0,7441	0,5064	0,6715	0,6736	0,7505	0,5927	0,6136
<b>ETH3</b>	<i>PE 1p</i>	0,3779	0,3246	0,3067	0,2885	0,0897	0,1927	0,0845	0,2820
	<i>PE 2p</i>	0,5609	0,5060	0,4804	0,4653	0,2367	0,3252	0,2086	0,4598
	<i>PE pp</i>	0,7560	0,7019	0,6555	0,6582	0,3959	0,4796	0,3392	0,6505
<b>TGLA53</b>	<i>PE 1p</i>	0,4494	0,4660	0,4269	0,5336	0,4851	0,3018	0,3399	0,5112
	<i>PE 2p</i>	0,6249	0,6395	0,6056	0,6988	0,6577	0,4794	0,5150	0,6807
	<i>PE pp</i>	0,8096	0,8212	0,7933	0,8689	0,8340	0,6720	0,6955	0,8627
	<b>PEC1p</b>	<b>0,9967899</b>	<b>0,9982587</b>	<b>0,9853461</b>	<b>0,9930738</b>	<b>0,9617274</b>	<b>0,9883613</b>	<b>0,9683261</b>	<b>0,9941087</b>
	<b>PEC2p</b>	<b>0,9999460</b>	<b>0,9999759</b>	<b>0,9994991</b>	<b>0,9998189</b>	<b>0,9976941</b>	<b>0,9996290</b>	<b>0,9985026</b>	<b>0,9998675</b>
	<b>PECpp</b>	<b>0,9999999</b>	<b>0,9999999</b>	<b>0,9999969</b>	<b>0,9999995</b>	<b>0,9999655</b>	<b>0,9999985</b>	<b>0,9999832</b>	<b>0,9999997</b>

Razas: He: Hereford; Ho: Holando; Aa: Aberdeen Angus; Aa pc: Aberdeen Angus puro controlado; No: Normando; Bf: Braford; Bf c: Braford controlado; Ba: Brangus; Ba p: Brangus preparatorio; Wa: Wagyu; Ch: Charolais; Sh: Shorthorn; Bh: Brahman; Je: Jersey; Li: Limousin

Durante el análisis de los datos se encontró que había un número importante de genotipos que no contaban con el marcador BM1818 (del panel 1); se analizaron los genotipos de los individuos que contaban con el total de marcadores del panel 1 (incluyendo BM1818), disminuyendo el n para cada raza. Los resultados de las frecuencias alélicas se presentan el **Anexo 1**.

## Parámetros determinados para la evaluación del Panel 2

En la Tabla 8 se detallan las frecuencias alélicas promedio, máximas y mínimas para los marcadores del panel 2, para las razas Hereford, Holando y Aberdeen Angus. Las frecuencias alélicas por raza se detallan en el **Anexo 1**.

**Tabla 8:** Frecuencias alélicas promedio ( $F_p$ ), máximas ( $F_{ma}$ ) y mínimas ( $F_{mi}$ ) para los marcadores del panel 2 en las diferentes razas analizadas.

	Raza	Hereford	Holando	Aberdeen Angus
<b>RM067</b>	<i>n</i>	164	285	267
	<i>F<sub>p</sub></i>	0,2000	0,1667	0,1667
	<i>F<sub>ma</sub></i>	0,5244 (102)	0,4140 (92)	0,4382 (102)
	<i>F<sub>mi</sub></i>	0,0030 (98)	0,0351 (98)	0,0019 (100)
<b>CSRM60</b>	<i>n</i>	59	13	59
	<i>F<sub>p</sub></i>	0,1429	0,2000	0,1250
	<i>F<sub>ma</sub></i>	0,4661 (102)	0,5 (102)	0,4068 (100)
	<i>F<sub>mi</sub></i>	0,0085 (94)	0,0769 (98)	0,0085 (90)
<b>MGTG4B</b>	<i>n</i>	100	311	59
	<i>F<sub>p</sub></i>	0,1000	0,0833	0,1250
	<i>F<sub>ma</sub></i>	0,2200 (139)	0,4148 (141)	0,4153 (135)
	<i>F<sub>mi</sub></i>	0,0100 (141)	0,0016 (134; 145; 155)	0,0083 (137)
<b>CSSM66</b>	<i>n</i>	59	14	56
	<i>F<sub>p</sub></i>	0,1250	0,1429	0,1429
	<i>F<sub>ma</sub></i>	0,2288 (193)	0,4286 (189)	0,4911 (187)
	<i>F<sub>mi</sub></i>	0,0508 (199)	0,0357 (187; 197)	0,0089 (193; 199)
<b>ILSTS06</b>	<i>n</i>	53	15	51
	<i>F<sub>p</sub></i>	0,1250	0,2000	0,1250
	<i>F<sub>ma</sub></i>	0,3679 (292)	0,5 (294)	0,2745 (288)
	<i>F<sub>mi</sub></i>	0,0094 (282; 286)	0,0333 (127; 133)	0,0098 (282)

n: número de individuos tipificados para cada marcador.

En la Tabla 9, se presentan los resultados de número de alelos por locus,  $H_o$ ,  $H_e$  y PIC de los marcadores del panel 2, para las razas Hereford, Aberdeen Angus y Holando.

**Tabla 9:** Número de alelos por locus (n° alelos), Heterocigosidad observada (Ho) y esperada (HE) y contenido de información polimórfica (PIC) para los marcadores del panel 2 para las razas Hereford, Aberdeen Angus y Holando.

	Raza	Hereford	Holando	Aberdeen Angus
<b>RM067</b>	<i>n° alelos</i>	5	6	6
	<i>Ho</i>	0,5732	0,7719	0,6074
	<i>He</i>	0,5786	0,7330	0,6941
	<i>PIC</i>	0,4938	0,6938	0,6448
<b>CSRM60</b>	<i>N° alelos</i>	7	5	8
	<i>Ho</i>	0,7119	0,7692	0,7458
	<i>He</i>	0,6907	0,7108	0,7194
	<i>PIC</i>	0,6390	0,6470	0,6666
<b>MGTG4B</b>	<i>n° alelos</i>	10	12	8
	<i>Ho</i>	0,6600	0,7363	0,6000
	<i>He</i>	0,8579	0,7394	0,7476
	<i>PIC</i>	0,8366	0,7037	0,7083
<b>CSSM66</b>	<i>n° alelos</i>	8	7	7
	<i>Ho</i>	0,9492	0,6429	0,7321
	<i>He</i>	0,8435	0,7778	0,6737
	<i>PIC</i>	0,8160	0,7223	0,6203
<b>ILSTS06</b>	<i>n° alelos</i>	8	5	8
	<i>Ho</i>	0,7736	0,7333	0,8039
	<i>He</i>	0,726	0,6759	0,8018
	<i>PIC</i>	0,6695	0,6002	0,7640

En la Tabla 10 se presentan las probabilidades de exclusión (PE1p, PE2p y PEpp) para cada uno de los marcadores del panel 2, para las razas analizadas.

**Tabla 10:** Probabilidad de exclusión individual (PE1p, PE2p, PEpp) de los marcadores del panel 2, para las razas Hereford, Holando y Aberdeen Angus.

	Raza	Hereford	Holando	Aberdeen Angus
<b>RM067</b>	<i>PE 1p</i>	0,1715	0,3327	0,2831
	<i>PE 2p</i>	0,2961	0,5118	0,4550
	<i>PE pp</i>	0,4421	0,7030	0,6393
<b>CSRM60</b>	<i>PE 1p</i>	0,2773	0,2798	0,3024
	<i>PE 2p</i>	0,4499	0,4616	0,4751
	<i>PE pp</i>	0,6385	0,6570	0,6591
<b>MGTG4B</b>	<i>PE 1p</i>	0,5421	0,3483	0,3524
	<i>PE 2p</i>	0,7059	0,5282	0,5328
	<i>PE pp</i>	0,8722	0,7233	0,7282
<b>CSSM66</b>	<i>PE 1p</i>	0,5048	0,3689	0,2567
	<i>PE 2p</i>	0,6745	0,5533	0,4278
	<i>PE pp</i>	0,8480	0,7516	0,6130
<b>ILSTS06</b>	<i>PE 1p</i>	0,3026	0,2356	0,4209
	<i>PE 2p</i>	0,4735	0,4010	0,5982
	<i>PE pp</i>	0,6523	0,5770	0,7812

Por último, en la Tabla 11 se presentan las probabilidades de exclusión combinada (PEC1p, PEC2p y PECpp) para el total de los 17 STR analizados (panel 1 y panel 2) para las razas Hereford, Holando y Aberdeen Angus.

**Tabla 11:** Probabilidad de exclusión combinada (PEC1p, PEC2p y PECpp) para los 17 marcadores STR analizados (panel 1 y panel 2) para las razas Hereford, Holando y Aberdeen Angus.

	Hereford	Holando	Aberdeen Angus
<i>PEC1p</i>	0,99857073	0,99931321	0,99910704
<i>PEC2p</i>	0,99999023	0,99999719	0,99999611
<i>PECpp</i>	0,99999999	0,99999999	0,99999999

En Hereford, considerando el panel 1, BM2113 TGLA227 y SPS115 fueron los marcadores que presentaron mayores valores de Ho, He, PIC y PE. Los que resultaron menos informativos, con menores valores de heterocigosidad, PIC y PE fueron ETH3, INRA23 y BM1818. En cuanto a los marcadores del panel 2, MGTG4B y CSSM66, presentaron valores de He, PIC y PE mayores que BM2113. El marcador que resultó menos informativo, de los 5 marcadores del panel 2, fue RM067.

Para la raza Holando, considerando los marcadores del panel 1, los que resultaron más informativos, con mayores valores de Ho, He, PIC y PE fueron TGLA53, TGLA227 y TGLA122. Los que resultaron menos informativos fueron SPS115, BM1818 y TGLA126. Para los 5 marcadores analizados del panel 2, CSSM66 y MGTG4B resultaron ser los más informativos, sin embargo, ambos presentaron valores de Ho, He, PIC y PE, inferiores que los marcadores más informativos del panel 1 (TGLA53, TGLA227 y TGLA122). ILSTS006 fue el marcador del panel 2, que presentó menores valores de Ho, He y PIC.

En Aberdeen Angus, considerando el panel 1, el marcador que resultó más informativo, con mayores valores de Ho, He, PIC y PE fue TGLA227, seguido por BM2113 y ETH225. El marcador que presentó menores valores de Ho, He, PIC y PE fue TGLA122, seguido por SPS115 y ETH10. Para los marcadores del panel 2, ILSTS006 fue el que presentó mayores valores de Ho, He, PIC y PE, con valores similares a los presentados por los marcadores más informativos del panel 1 en esta raza (TGLA227, BM2113 y ETH225).

En Aberdeen Angus puro controlado, el marcador que presentó mayores valores de Ho, He, PIC y PE fue TGLA227, seguido por BM2113, ETH225 y TGLA53. TGLA122 fue el que presentó menores valores para todos los indicadores, seguido por ETH10 y SPS115.

En las razas Hereford, Holando, Aberdeen Angus y Aberdeen Angus puro controlado, se encontraron en algunos marcadores, alelos de muy baja frecuencia. Se realizaron los análisis de los datos sin considerar los genotipos que presentaban esos alelos (**Anexo 2**) y se vio que los resultados no varían en cuanto a cuáles fueron los marcadores más o menos informativos. Tampoco varía las probabilidades de exclusión del panel de marcadores.

En la raza Normando, INRA23 presentó los mayores valores de Ho, He, PIC y PE, seguido por TGLA53 y TGLA227, mientras que ETH10 fue el que resultó menos

informativo, con menores valores de heterocigosidad PIC y PE, seguido por BM1818 y TGLA122.

En Braford, el marcador que presentó mayores valores de Ho, He, PIC y PE fue BM2113, seguido por TGLA227 y ETH225. INRA23 fue el que resultó menos informativo, con valores de He y PIC menores a 0,5, seguido por ETH3 y TGLA126. En Braford controlado, TGLA227 fue el que presentó mayores valores de He, PIC y PE, seguido por ETH225 y ETH10. ETH3 fue el que presentó menores valores de Ho, He, PIC y PE, seguido por BM1824 e INRA23.

En Brangus, ETH225 fue el que presentó mayores valores de heterocigosidad, PIC y PE, seguido de ETH10 y TGLA53; el que resultó menos informativo fue BM1824. En Brangus preparatorio TGL126 fue el más informativo y BM1824 el menos.

En Wagyu, el marcador que resultó más informativo, con mayores valores de heterocigosidad, PIC y PE, fue el TGLA53, seguido por BM2113, SPS115 e INRA23. Los menos informativos fueron ETH10 y BM1818. En Charolais BM2113 y TGLA53 resultaron ser los más informativos, mientras que ETH10 y SPS115 fueron los que presentaron menores valores de He, PIC y PE.

En Shorthorn los más informativos fueron TGLA53, INRA23 y BM1818, con mayores valores de heterocigosidad, PIC y PE, mientras que los menos informativos fueron SPS115, ETH3 y BM1824. En Brahman, TGLA122 e INRA23 presentaron los mayores valores de PIC, heterocigosidad y PE; mientras que los menos informativos fueron ETH225, TGLA227 y ETH3.

En Jersey los más informativos fueron INRA23 y TGLA53; los menos informativos ETH3, TGLA126 y BM2113. Y en Limousin los más informativos fueron TGLA53 y BM2113 y los menos BM1824, SPS115 y BM1818.

## DISCUSIÓN

La evaluación de si un marcador es adecuado para ser utilizado en verificación de parentesco, se basa en diferentes parámetros o indicadores, los cuales fueron calculados en este trabajo. La heterocigosidad de un locus da cuenta de la variabilidad de ese locus en la población estudiada y de la utilidad que el mismo pueda tener en las pruebas de identificación individual y paternidad, cuanto mayor sea la heterocigosidad, mayor variabilidad y más adecuado será ese locus para ese tipo de estudios (Ozkan y col., 2009). La heterocigosidad y el PIC son indicadores que nos permiten evaluar la utilidad de un locus para pruebas de paternidad; valores de heterocigosidad menores a 0,5 (Marshall y col., 1998) y de PIC menores a 0,5 (Botstein y col., 1980), indican que ese locus no es muy útil para verificación de parentesco.

Algunos de los marcadores evaluados, presentaron valores de heterocigosidad y/o PIC inferiores a 0,5. En Hereford, INRA23, BM1818, ETH3 y RM067 presentaron valores de PIC inferiores a 0,5, y valores de heterocigosidad que apenas superan el valor mínimo mencionado. En Braford, INRA23 presentó valores de heterocigosidad y PIC menores a 0,5. En Charolais ETH10 presentó valores de heterocigosidad y PIC inferiores a 0,2. En Shorthorn BM1824, SPS115, TGLA122 y ETH3 presentaron valores de heterocigosidad y PIC inferiores a 0,5. En Brahman, ETH225 presentó valores de heterocigosidad y PIC inferiores a 0,4. En Jersey, BM1824 y BM2113 presentaron valores de PIC inferior a 0,5, mientras que TLGA126 y ETH3 presentaron valores de heterocigosidad y PIC inferiores a 0,5.

Resultados similares fueron encontrados en Hereford para ETH3 (Radko y col., 2005; Yoon y col., 2005; Van de Goor y col., 2011); en Charolais Putnova y col. (2011) encontraron valores de heterocigosidad menores a 0,2 en ETH10, valores similares también fueron reportados por Van de Goor y col. (2011) y por Yoon y col. (2005). En otros casos, los resultados difieren con reportes anteriores. Por ejemplo, en Brahman para ETH225 se determinaron valores de heterocigosidad y PIC mayores a 0,5 (Riojas-Valdez y col., 2009), mientras que Arellano y col. (2007) reportaron en Braford para INRA23 valores de heterocigosidad y PIC mayores a 0,8 en poblaciones mexicanas.

Tanto el PIC como la heterocigosidad están determinadas por las frecuencias alélicas. La informatividad de un locus está determinada por el número de alelos y por la distribución de la frecuencia de esos alelos. Según algunos autores, cuando la frecuencia del alelo más común ( $F_{ma}$ ) es mayor a 0,5, el marcador resulta ser poco informativo y es cuestionable su utilización para chequeos de paternidad (Rehout y col., 2006; Ozkan y col., 2009). Todos los marcadores que presentaron PIC y/o heterocigosidad inferior a 0,5 mencionados anteriormente, presentaron valores de  $F_{ma}$  mayores a 0,5.

Por otro lado, se encontraron varios marcadores en las distintas razas, cuyos valores de  $F_{ma}$  fueron iguales o mayores a 0,5, que, si bien presentaron valores de PIC y  $H_e$  superiores a 0,5, resultaron ser los menos informativos (con menores valores de PIC y  $H_e$ ), de los evaluados para cada raza.

En la raza Hereford, BM2113 y ETH3 presentaron la misma cantidad de alelos (10), sin embargo, uno resultó ser el más informativo y el otro el menos informativo. ETH3

presentó una F<sub>ma</sub> (para el alelo 117) de 0,5476 y el siguiente alelo más frecuente (119) presentó una frecuencia de 0,4367, juntos suman una frecuencia de 0,9843; esta distribución de la frecuencia explicaría los bajos valores de PIC, H<sub>o</sub>, y H<sub>e</sub> para ese marcador. Para BM2113, con el mismo número de alelos, la frecuencia máxima fue de 0.3476. En Aberdeen Angus TGLA122 fue el que presentó menores valores para todos los indicadores, sin embargo, fue el que presentó mayor número de alelos. Pero 8 de los 18 alelos descritos en Aberdeen Angus para ese marcador, presentaron frecuencias menores a 0,001 (Anexo 2), y el alelo de mayor frecuencia presentó una frecuencia de 0,6155. Estos ejemplos, dan cuenta de la importancia que tiene la distribución de la frecuencia de los alelos y no tanto la cantidad de alelos para un locus determinado, en determinar la informatividad de dicho locus.

Un dato interesante que se desprende de los resultados, es poder definir aquellos marcadores que resultan más o menos informativos, según sus valores de heterocigosidad, PIC y PE para las diferentes razas (información que se detalla en la sección de resultados). Algunos investigadores observaron que los marcadores que presentan mayor probabilidad de exclusión, es en los que se observa mayor cantidad de exclusiones entre cría y padres en estudios de paternidad (Rehout y col., 2006). Estos mismos investigadores vieron que los marcadores que presentaban mayor heterocigosidad también tenían mayor probabilidad de exclusión. En aquellos marcadores en los que la PE fue mayor, es de esperar que se den la mayor cantidad de exclusiones en la verificación de parentesco (Jamieson, 1994; Rehout y col., 2006).

Todos los laboratorios que realizan análisis de STR para chequeos de paternidad en bovinos, deberían usar al menos los 12 marcadores recomendados por la ISAG (panel 1). Sin embargo, en la práctica, no siempre se cuenta con el panel básico de 12 marcadores, sobre todo cuando se comparan animales analizados en diferentes laboratorios; conocer cuáles son los marcadores más informativos, resulta útil para poder discernir si la información faltante es más o menos relevante. Por ejemplo, en Hereford, para el panel 1, BM2113, TGLA227 y SPS115 fueron los marcadores que presentaron mayores valores de H<sub>o</sub>, H<sub>e</sub>, PIC y PE, es de esperar que la mayor cantidad de exclusiones se den en esos marcadores, por tanto, cuando se realiza verificación de paternidad en bovinos de esta raza, contar con la información de esos marcadores resulta relevante.

Por otro lado, debemos tener presente que los valores de PIC, heterocigosidad y probabilidad de exclusión, dependen de las frecuencias alélicas, y pueden variar para diferentes poblaciones de una misma raza. Para la raza Hereford, los resultados obtenidos en el presente trabajo coinciden con los descritos en estudios previos realizados en bovinos Hereford en diferentes regiones (Radko y col., 2005; Van Eenennaam y col., 2007; Van de Goor y col., 2011). Sin embargo, otros investigadores determinaron TGLA122 como el más informativo en bovinos de raza Hereford en Corea (Yoon y col., 2005). TGLA227 resultó ser uno de los 3 con mayor PIC en Hereford, sin embargo, Yoon y col., (2005) determinaron valores de PIC inferiores a 0,5 en estudios realizados en bovinos de la misma raza. Para la raza Holando los resultados obtenidos, coinciden con estudios similares realizados previamente en esta raza en diferentes países (Rahimi y col., 2006; Rehout y col., 2006; Ozkan y col., 2009).

Estudios realizados en bovinos raza Aberdeen Angus en Colombia, coinciden en BM2113 como uno de los más informativos y TGLA122 como el menos informativo de los evaluados (Montoya y col., 2010). Por otra parte, Yoon y col., (2005), analizaron un total de 18 microsátélites (9 del panel 1) en bovinos de raza Aberdeen Angus, y encontraron que TGLA122 fue el que presentó mayores valores de PIC y heterocigosidad, mientras que ETH10 fue el que presentó menores valores para esos indicadores. En Brangus, estudios previos coinciden en ETH225 como el marcador con mayores valores de heterocigosidad y PIC, sin embargo para BM1824 también reportan altos valores (mayores a 0,8) para esos indicadores (Montoya y col., 2010), BM1824 resultó ser el menos informativo en el presente trabajo.

Para evaluar un panel de marcadores utilizado en chequeos de paternidad, se calcula la probabilidad de exclusión combinada de los marcadores que integran dicho panel. Algunos investigadores mencionan que dicha probabilidad debe ser de al menos 0,999 (Vankan y col., 1999; Ozcan y col., 2009); mientras que otros recomiendan para chequeos de paternidad probabilidad de exclusión de  $>0,9999$  (Hara y col., 2010). Para el panel 1 (12 STR), la probabilidad de exclusión para una pareja de candidatos (PECpp) resultó aceptable (valores mayores a 0,9999) en todas las razas analizadas. Cuando se evalúa un candidato, conociendo el genotipo del progenitor del sexo opuesto (PEC2p), solo en 4 razas (Braford, Braford controlado, Brangus y Brangus preparatorio) se obtuvieron valores superiores a 0,9999; para las razas Shorthorn y Jersey la probabilidad de exclusión de los 12 STR no alcanzó a 0,999. Cuando se evalúa un progenitor sin conocer el genotipo del progenitor del sexo opuesto (PEC1p), todas las razas presentaron valores de PEC1p menores a 0,999. Resultados similares fueron obtenidos por otros investigadores en Holando (Rehout y col., 2006; Oskan y col., 2009), Charolais, Hereford, Wagyu (Van de Goor y col., 2011) y Brahman (Riojas-Valdez y col., 2009).

Las razas Shorthorn y Jersey, fueron las que presentaron menores valores de PEC; en ambas razas, 4 de los 12 marcadores evaluados, presentaron valores de PIC y/o heterocigosidad menores a 0,5; además fueron las que presentaron menores valores de Ho, He y PIC promedio. Estudios realizados bovinos de razas Jersey en Brasil, reportan valores similares de Ho, He y PIC promedio que los reportados aquí, para un conjunto de 12 STR (5 del panel 1) (Egito y col., 2007).

La probabilidad de exclusión de un panel se puede mejorar aumentando el número de marcadores (Van de Goor y col., 2011). Para las razas Hereford, Holando y Aberdeen Angus, en las cuales se analizó el panel 2, se calcularon las probabilidades de exclusión combinada para los 17 marcadores analizados (panel 1 más panel 2), en las 3 situaciones contempladas (PEC1p, PEC2p y PECpp). Como era de esperar, la probabilidad de exclusión combinada mejoró respecto a la del panel de 12 STR en todos los casos. La PECpp y PEC2p resultaron mayores a 0,9999 en las 3 razas, sin embargo, los valores de PEC1p para el panel de 17 marcadores, siguió estando por debajo del valor recomendado de 0,9999, y en Hereford no llegó a 0,999. Es de esperar que en el resto de las razas se observe un comportamiento similar, logrando un aumento en la probabilidad de exclusión combinada, al aumentar el número de marcadores incorporados en el panel evaluado.

Algunos de los 12 marcadores STR recomendados por la ISAG para chequeos de paternidad en bovinos (panel 1), presentaron bajo polimorfismo en algunas de las razas estudiadas, presentando valores de PIC y heterocigosidad que no superaron los valores mínimos recomendados. Resultados similares fueron reportados por otros investigadores (Radko y col., 2005; Yoon y col., 2005; Putnova y col., 2011; Van de Goor y col., 2011), sin embargo, por tratarse de los marcadores recomendados por la ISAG, no sería recomendable reemplazar cualquiera de estos 12 loci, para alcanzar los valores adecuados de probabilidad de exclusión sino que la recomendación sería aumentar el número de marcadores (Van de Goor y col., 2011).

Por otra parte, es pertinente considerar los SNP como herramienta alternativa a los STR, para verificación de paternidad en bovinos. En comparación con los STR, los SNP tienen mayor precisión en el genotipado, son más automatizables, tienen una nomenclatura estándar para diferentes plataformas y laboratorios, y tienen un gran poder de exclusión cuando se usa una cantidad suficiente de SNP (McClure y col., 2014). Según algunos autores, con un conjunto de 45 SNP se alcanzan probabilidades de coincidencia mayores que las alcanzadas con el panel de marcadores STR recomendado por la ISAG (Allen y col., 2010, Fernández y col., 2013). Por lo tanto, el conjunto recomendado por la ISAG de 100 SNP representaría una mejora en la precisión para la verificación de parentesco, en comparación con los 12 marcadores STR del panel recomendado por ISAG (McClure y col., 2014).

Una de las limitantes más importantes para migrar del uso de STR a SNP, es que ambos marcadores (STR y SNP) no son compatibles. Durante la migración entre ambos tipos de marcadores, sería necesario genotipar los animales con ambas técnicas, lo que implicaría un gran costo de genotipado. Una solución a este problema es planteada por McClure y col., (2012), quienes proponen un método mediante el cual se pueden imputar alelos de STR a haplotipos de SNP, logrando “traducir” la información generada por SNP a STR, y evitando el doble análisis de muestras de ADN. Utilizando esta metodología, se lograron imputar alelos de STR con una alta precisión en diferentes razas de bovinos (McClure y col., 2012; McClure y col., 2014). Sin embargo, estudios realizados en bovinos en Eslovenia, utilizando los haplotipos de referencia (Mc McClure y col., 2012), lograron una precisión en la imputación de alelos de STR que no alcanzó el 92% (Obsteter y col., 2016). En caso de pretender usar esta metodología en poblaciones nacionales, la metodología debería ser validada para poblaciones de bovinos de nuestro país.

## CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS

Algunos de los marcadores STR evaluados presentaron bajo polimorfismo, reportándose valores de heterocigosidad y PIC, inferiores a los mínimos recomendados para ser utilizados en chequeos de paternidad. A pesar de estos resultados, por tratarse de marcadores recomendados por la ISAG, no sería aconsejable eliminarlos de los paneles utilizados para chequeos de paternidad en bovinos, pero justificaría la incorporación de otros marcadores con el fin de aumentar la probabilidad de exclusión del panel utilizado.

La probabilidad de exclusión del panel de 12 marcadores (panel 1), no alcanzó los valores mínimos recomendados en algunas de las situaciones evaluadas. La incorporación de los 5 marcadores del panel 2, logró mejorar dicha probabilidad. El panel de 17 marcadores alcanzó valores de PEC de 0,9999 en 2 de las 3 situaciones evaluadas. Sin embargo la PEC<sub>1p</sub> siguió estando por debajo de ese valor. El panel de 17 marcadores sería útil para realizar chequeos de paternidad en bovinos, aunque sería recomendable realizar estudios en las demás razas para ver cómo se comporta dicho panel en las diferentes situaciones.

La utilización de los marcadores moleculares SNP para realizar verificación de paternidad en bovinos debe evaluarse como una alternativa, no solo por las ventajas que podría representar, sino porque muchas instituciones de otros países dedicadas al registro de animales de pedigree, como las Asociaciones Americanas de Aberdeen Angus y Hereford, así como la Asociación Rural de Argentina, entre otras, ya están utilizando esta metodología. Uruguay recibe información genética de esos países y la incompatibilidad de ambas técnicas podría representar un problema para la verificación de paternidad de animales de pedigrí. Además, los SNP están siendo utilizados en nuestro país para generar DEP genómicos (Evaluaciones Genéticas Bovinas, 2017) y muchos animales ya cuentan con genotipos de SNP.

Una de las alternativas a utilizar en un posible proceso de transición de uso de STR a SNP para paternidad, es la imputación de STR propuesta por Mc. Clure y col. (2012), pero sería necesario validar esa metodología en poblaciones nacionales. El conocimiento de la caracterización molecular de los animales y de las frecuencias de las mismas, generadas en este trabajo, es información relevante a la hora de realizar estos sistemas de imputación.

Durante la realización de este trabajo se obtuvieron datos de variabilidad genética y frecuencias alélicas que podrían aportar al estudio de la diversidad y variabilidad genética de las diferentes razas utilizadas en nuestro país.

## BIBLIOGRAFÍA

1. Adamov N., Mickov L., Petkov V., Adamov M. (2011). Microsatellite markers for pedigree verification in cattle. *Macedonian Journal of Animal Science*, 1(1): 9-15.
2. Aguilar I., Navajas E., Ravagnolo O., Peraza P., Montossi F., Dalla Rizza M. (2012). Determinando el parentesco a través del uso de SNP. *INIA Serie Actividades de Difusión N° 698*, p: 4-6.
3. Allen A. R., Taylor M., McKeown B., Curry A. I., Lavery J. F., Mitchell A., Skuce R. A. (2010). Compilation of a panel of informative single nucleotide polymorphisms for bovine identification in the Northern Irish cattle population. *BMC genetics*, 11(1): 5.
4. Aranguren-Méndez J. A., Román-Bravo R., Isea W., Villasmil Y., Jordana J. (2005). Los microsatélites (STR's), marcadores moleculares de ADN por excelencia para programas de conservación: una revisión. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, 13(1): 1-6.
5. Arellano W. Sifuentes A., Parra G., Garcidueñas R. (2007). Evaluación en ganado Braford de los marcadores microsatélites sugeridos por FAO/ISAG para pruebas de paternidad. APPA - ALPA - Cusco, Perú. 5p. Disponible en [http://www.produccion-animal.com.ar/genetica\\_seleccion\\_cruzamientos/bovinos\\_de\\_carne](http://www.produccion-animal.com.ar/genetica_seleccion_cruzamientos/bovinos_de_carne). Fecha de consulta: Marzo 2013.
6. Asociación Rural del Uruguay (2017). Disponible en <https://www.aru.com.uy>. Fecha de consulta: Julio 2017.
7. Banos G., Wiggans G. R., Powell R. L. (2001). Impact of paternity errors in cow identification on genetic evaluations and international comparisons. *Journal of Dairy Science*, 84(11): 2523-2529.
8. Botstein D., White R. L., Skolnick M., Davis R. W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal of Human Genetics*, 32(3): 314.
9. Brumfield R. T., Beerli P., Nickerson D. A., Edwards S. V. (2003). The utility of single nucleotide polymorphisms in inferences of population history. *Trends in Ecology & Evolution*, 18(5): 249-256.
10. Butler J. M. (2001). *Forensic DNA typing: biology & technology behind STR markers*. San Diego, Academic Press.
11. Christensen L. G., Madsen P., Petersen J. (1982). The influence of incorrect sire identification on the estimates of genetic parameters and breeding values.

Proc. 2nd World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Madrid, Spain. 7:200–208.

12. Crow J. F., Kimura M. (1970). An introduction to population genetics theory. An introduction to population genetics theory. New York, Harper and Row. pp. 1970.
13. DIEA – Anuario Estadístico de DIAEA 2015. OPYPA, MGAP, Uruguay. [www.mgap.gub.uy](http://www.mgap.gub.uy). Disponible en <http://www.mgap.gub.uy/unidad-ejecutora/oficina-de-programacion-y-politicas-agropecuarias/publicaciones/anuarios-diea>. Fecha de consulta: Diciembre de 2015.
14. Egito A. A., Paiva S. R., Maria do Socorro M., 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(1), 83
15. Elbert N. M. (2013). Utilizing Single Nucleotide Polymorphism Analysis in Determining Parentage of Cattle. Tesis Utah State University, 20p.
16. Evaluaciones Genéticas Bovinas (2017). Disponible en <http://geneticabovina.com.uy>. Fecha de consulta: Diciembre 2017.
17. Ferguson L. C. (1941). Heritable Antigens in the Grythrocyte of Cattle. *Journal of Immunology*, 40: 213.
18. Fernández M. E., Goszczynski D. E., Lirón J. P., Villegas-Castagnasso E. E., Carino M. H., Ripoli M. V., Giovambattista G. (2013). Comparison of the effectiveness of microsatellites and SNP panels for genetic identification, traceability and assessment of parentage in an inbred Angus herd. *Genetics and Molecular Biology*, 36(2): 185-191.
19. Geldermann H, Pieper U, Weber W E (1986). Effect of misidentification on the estimation of breeding value and heritability in cattle. *Journal of Animal Science*, 63(6): 1759-1768.
20. Gianola D. (1991). Mejoramiento genético animal en el Uruguay. INIA Serie Técnica N° 12, 71p.
21. Gonzalez E. G. (2003). Microsatélites: sus aplicaciones en la conservación de la biodiversidad. *Graellsia*, 59(2-3): 377-388.
22. Hara K., Kon Y., Sasazaki S., Mukai F., Mannen H. (2010). Development of novel SNP system for individual and pedigree control in a Japanese Black cattle population using whole-genome genotyping assay. *Animal Science Journal*, 81(4): 506-512.

23. Harder B., Bennewitz J., Reinsch N., Mayer M., Kalm E. (2005). Effect of missing sire information on genetic evaluation. *Arch. Tierz*, 48(1-3): 219-232.
24. Harlizius B., Lopes M. S., Duijvesteijn N., Van De Goor L. H. P., Van Haeringen W. A., Panneman H., Knol E. F. (2011). A single nucleotide polymorphism set for paternal identification to reduce the costs of trait recording in commercial pig breeding. *Journal of Animal Science*, 89(6): 1661-1668.
25. Hayes, B. J. (2011). Efficient parentage assignment and pedigree reconstruction with dense single nucleotide polymorphism data. *Journal of Dairy Science*, 94(4): 2114-2117.
26. Heaton M. P., Grosse W. M., Kappes S.M, Keele J.W, Chitko-McKown C.G, Cundiff L.V, Braun A, Little D.P, Laegreid W.W (2001) Estimation of DNA sequence diversity in bovine cytokine genes. *Mammalian Genome*. 12: 32–37.
27. Heaton M. P., Harhay G. P., Bennett G. L., Stone R. T., Grosse W. M., Casas E., Laegreid W. W. (2002). Selection and use of SNP markers for animal identification and paternity analysis in US beef cattle. *Mammalian Genome*, 13(5): 272-281.
28. ISAG Workshop Report (2014). International Society of Animal Research. [www.isag.us/docs/Workshop%20report%20CMMPT%202014.pdf](http://www.isag.us/docs/Workshop%20report%20CMMPT%202014.pdf). Disponible en [www.isag.us](http://www.isag.us). Fecha de consulta: Febrero 2016.
29. Israel C., Weller J. I. (2000). Effect of misidentification on genetic gain and estimation of breeding value in dairy cattle populations. *Journal of Dairy Science*, 83(1): 181-187.
30. Jamieson A. (1994). The effectiveness of using co-dominant polymorphic allelic series for (1) checking pedigrees and (2) distinguishing full-sib pair members. *Animal Genetics*, 25(S1): 37-44.
31. Jamieson A., Taylor C. S. (1997). Comparisons of three probability formulae for parentage exclusion. *Animal Genetics*, 28(6): 397-400.
32. Kennedy G. C., Matsuzaki H., Dong S., Liu W., Huang J., Liu G., Su X., Cao M., Chen W., Zhang J., Liu W., Yang G., Di X., Ryder T., He Z., Surti U., Phillips M., Boyce-Jacino M., Fodor S., Jones K. (2003). "Large-scale genotyping of complex DNA." *Nature biotechnology* 21(10): 1233-1237.
33. López-Herraez D. L., Schäfer H., Mosner J., Fries H. R., Wink M. (2005). Comparison of microsatellite and single nucleotide polymorphism markers for the genetic analysis of a Galloway cattle population. *Zeitschrift für Naturforschung C*, 60(7-8): 637-643.

34. Marshall T. C., Slate J. B. K. E., Kruuk L. E. B., Pemberton J. M. (1998). Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology*, 7(5): 639-655.
35. McClure M., Sonstegard T., Wiggans G., Van Tassell C. P. (2012). Imputation of microsatellite alleles from dense SNP genotypes for parental verification. *Frontiers in Genetics*, 3: 1-9. Disponible en: <http://doi.org/10.3389/fgene.2012.00140>. Fecha de consulta: marzo 2013.
36. McClure M. C., Mullen M. P., Kearney J. F., Cromie A. R., Treacy M., Flynn P., Berry D. P. (2014). Application of a custom SNP chip: Microsatellite imputation, parentage SNP imputation, genomic evaluations, and across-breed nation-wide genetic disease prevalence with the International Beef and Dairy SNP chip. *ICAR*, May, 20, 13p. Disponible en <http://www.icar.org/wp-content/uploads/2016/07/Berlin-2014-McClure-Mullen-Kearney-Application-of-a-custom-SNP-chip-Microsatellite-imputation-parentage-SNP-imputation.pdf>. Fecha de consulta: Julio 2017.
37. Meuwissen T., Hayes B., Goddard M. (2016). Genomic selection: A paradigm shift in animal breeding. *Animal Frontiers*, 6(1):6-14
38. Montoya A. E., Cerón-Muñoz M. F., Moreno M. A., Martínez E., Corrales J. D., Tirado J. F., Calvo S. J. (2010). Genetic characterization of the Hartón del Valle, Angus, Brangus, Holstein, and Senepol cattle breeds in Colombia, using ten microsatellite markers. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, 23(3), 283-291.
39. Nei M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89(3), 583-590.
40. Obsteter J., Logar B., Opara A., Jenko J., (2016). Parentage Verification Using Imputed Microsatellite and SNP Data in Slovenian Brown Swiss Population. *Interbull Bulletin*. N° 50, p 108-110. Disponible en <https://journal.interbull.org/index.php/ib/article/view/1398>. Fecha de consulta: Julio 2017.
41. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (2017). Disponible en <http://www.fao.org>. Fecha de consulta: Julio 2017.
42. Ozkan E., Soysal M. I., Ozder M., Koban E., Sahin O., Togan İ. (2009). Evaluation of parentage testing in the Turkish Holstein population based on 12 microsatellite loci. *Livestock Science*, 124(1): 101-106.
43. Putnova L., Vrtkova I., Srubarova P., Stehlik L. (2011). Utilization of a 17 microsatellites set for bovine traceability in Czech cattle populations. *Iranian Journal of Applied Animal Science*, 1(1): 31-37
44. Radko A., Zyga A., Zabek T., Słota, E. (2005). Genetic variability among Polish Red, Hereford and Holstein-Friesian cattle raised in Poland based on

- analysis of microsatellite DNA sequences. *Journal of Applied Genetics*, 46(1): 89-91
- 45.
46. Radko A., Rychlik T. (2009). Use of blood group tests and microsatellite DNA markers for parentage verification in a population of Polish Red-and-White cattle. *Annals of Animal Science*, 9(2): 119-125.
47. Rahimi G, Nejati-Javaremi A, Saneei D, Olek K (2006). Estimation of genetic variation in Holstein young bulls of Iran AI station using molecular markers. *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 19: 463-467.
48. Řehout V., Hradecká E., Čítek J. (2006). Evaluation of parentage testing in the Czech population of Holstein cattle. *Czech Journal of Animal Science*. 51(12): 503–509.
49. Riojas-Valdes V. M., Gomes de la Fuente J. C., Garza-Lozano J. M., Gallardo-Blanco D. C., De Tellitu-Schutz J. N., Wong-Gonzales A., Salinas Meléndez J. A. (2009). Exclusion probabilities of 8 DNA microsatellites in 6 cattle breeds from Northeast Mexico. *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 8(1): 62-66.
50. Ron M., Blanc Y., Band M., Ezra E., Weller J. I. (1996). Misidentification rate in the Israeli dairy cattle population and its implications for genetic improvement. *Journal of Dairy Science*, 79(4): 676-681.
51. Sanders K., Bennewitz J., Kalm E. (2006). Wrong and missing sire information affects genetic gain in the Angeln dairy cattle population. *Journal of Dairy Science*, 89(1): 315-321.
52. Senneke S. L., MacNeil M. D., Van Vleck L. D. (2004). Effects of sire misidentification on estimates of genetic parameters for birth and weaning weights in Hereford cattle. *Journal of Animal Science*, 82(8): 2307-2312.
53. Sociedad Internacional de Genética Animal (2017). Disponible en <http://www.isag.us>. Fecha de consulta: Julio 2017
54. Stormont C. (1958). On the application of blood groups in animal breeding. In X International Congress of Genetics. Montreal, Canada: University of Toronto Press.
55. Stormont C. (1967) Contribution of blood typing to dairy science progress. *Journal of dairy science*, 50(2): 253-260.
56. Strucken E. M., Gudex B., Ferdos M. H., Lee H. K., Song K. D., Gibson J. P., Kelly M., Piper E. K., Porto-Neto L. R., Lee S. H., Gondro C. (2014). Performance of different SNP panels for parentage testing in two East Asian cattle breeds. *Animal Genetics*. 45: 572–575.

57. Tokarska M., Marshall T., Kowalczyk R., Wo´jcik J.M., Pertoldi C., Kristensen T.N., Loeschcke V., Gregersen V.R., Bendixen C. (2009). Effectiveness of microsatellite and SNP markers for parentage and identity analysis in species with low genetic diversity: the case of European bison. *Heredity*. 103: 326–332
58. Urioste J. I. (2010). Programas de mejoramiento genético animal en Uruguay: logros y desafíos futuros. *Agrociencia*, 14(3): 3-10.
59. Van de Goor L. H. P., Koskinen M. T., Van Haeringen W. A. (2011). Population studies of 16 bovine STR loci for forensic purposes. *International Journal of Legal Medicine*, 125(1): 111-119.
60. Van Eenennaam A. L., Weaber R. L., Drake D. J., Penedo M. C. T., Quaas R. L., Garrick D. J., Pollak E. J. (2007). DNA-based paternity analysis and genetic evaluation in a large, commercial cattle ranch setting. *Journal of Animal Science*, 85(12): 3159-3169.
61. Van Vleck L. D. (1970). Misidentification and sire evaluation. *Journal of Dairy Science*, 53(12): 1697-1702.
62. Vankan D. M., Faddy M. J. (1999). Estimations of the efficacy and reliability of paternity assignments from DNA microsatellite analysis of multiple-sire matings. *Animal genetics*, 30(5): 355-361
63. Vignal A., Milana D., Sancristobala M., Eggenb A. (2002). A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Genetics Selection Evolution*, 34: 275-305.
64. Visscher P. M., Woolliams J. A., Smith D., Williams J. L. (2002). Estimation of pedigree errors in the UK dairy population using microsatellite markers and the impact on selection. *Journal of Dairy Science*, 85(9): 2368-2375.
65. Weller J. I., Feldmesser E., Golik M., Tager-Cohen I., Domochoovsky R., Alus O., Ron M. (2004). Factors affecting incorrect paternity assignment in the Israeli Holstein population. *Journal of Dairy Science*, 87(8): 2627-2640.
66. Yoon D. H., Kong H. S., Oh J. D., Lee J. H., Cho B. W., Kim J. D., Lee H. K. (2005). Establishment of an individual identification system based on microsatellite polymorphisms in Korean cattle (Hanwoo). *Asian-Australasian Journal of Animal Sciences*, 18(6): 762-766.

## ANEXO 1

### Frecuencias alélicas

Se presentan las frecuencias alélicas en las 15 razas analizadas para los 12 STR evaluados. Para las razas Hereford, Holando y Aberdeen Angus, se presentan también las frecuencias para los 5 STR adicionales. Durante el análisis de los datos, se observó que el marcador BM1818, en algunas de las razas, estaba presente en una menor cantidad de animales. En esos casos, se llevó a cabo el análisis de frecuencias considerando únicamente aquellos animales que contaban con BM1818 (disminuye el n). Los resultados de las frecuencias se presentan a continuación.

#### HEREFORD

Total análisis N 6990				Análisis con BM1818 N 3787		
<i>Locus</i>		<b>BM1824</b>		<b>BM1824</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	178	0,2176	5	178	0,2124
		180	0,0273		180	0,031
		182	0,5116		182	0,5028
		188	0,2113		188	0,2225
		190	0,0322		190	0,0313
<i>Locus</i>		<b>BM2113</b>		<b>BM2113</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	125	0,0876	8	125	0,0915
		127	0,0395		127	0,0402
		129	0,0005			
		131	0,0254		131	0,0326
		133	0,1386		133	0,1309
		135	0,1860		135	0,1865
		137	0,0282		137	0,0264
		139	0,3476		139	0,3385
		141	0,1463		141	0,1487
		143	0,0002			
<i>Locus</i>		<b>ETH10</b>		<b>ETH10</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	209	0,0001	6		
		211	0,0001			
		213	0,0117		213	0,0112
		215	0,0719		215	0,0747
		217	0,2318		217	0,2265
		219	0,1884		219	0,1790
		221	0,4936		221	0,5074
		223	0,0006			
		225	0,0019		225	0,0012
<i>Locus</i>		<b>ETH225</b>		<b>ETH225</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	140	0,2384	6	140	0,2419
		142	0,0001			
		144	0,0858		144	0,0847
		146	0,1218		146	0,1082
		148	0,4009		148	0,4062
		150	0,1514		150	0,1576
		152	0,0016		152	0,0015

<i>Locus</i>		<b>INRA023</b>			<b>INRA023</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	11	198	0,0001	5			
		200	0,0005				
		202	0,0002				
		204	0,0001				
		206	0,2156		206	0,2171	
		208	0,1311		208	0,1244	
		210	0,0026		210	0,0028	
		212	0,0075		212	0,0082	
		214	0,6421		214	0,6476	
		216	0,0002				
		218	0,0001				
<i>Locus</i>		<b>SPS115</b>			<b>SPS115</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	10	246	0,0002	6			
		248	0,2712		248	0,2745	
		250	0,0004				
		252	0,1731		252	0,1745	
		254	0,0369		254	0,0334	
		256	0,1645		256	0,1681	
		258	0,0297		258	0,0303	
		260	0,3237		260	0,3192	
		261	0,0001				
		262	0,0004				
<i>Locus</i>		<b>TGLA122</b>			<b>TGLA122</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	18	137	0,0001	9			
		141	0,1181		141	0,1273	
		143	0,4859		143	0,4768	
		145	0,0001				
		147	0,0285		147	0,0257	
		149	0,0113		149	0,0099	
		151	0,0796		151	0,0774	
		153	0,0006				
		155	0,0001				
		157	0,0006				
		159	0,0004				
		161	0,1890		161	0,1933	
		163	0,0004				
		169	0,0226		169	0,0239	
		173	0,0001				
		179	0,0013		179	0,0018	
		181	0,0003				
		183	0,0611		183	0,0639	
<i>Locus</i>		<b>TGLA126</b>			<b>TGLA126</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	7	113	0,0034	6	113	0,0033	
		115	0,3223		115	0,3187	
		117	0,4601		117	0,4714	
		119	0,0169		119	0,0142	
		121	0,1270		121	0,1196	
		123	0,0703		123	0,0724	
		125	0,0001				
<i>Locus</i>		<b>TGLA227</b>			<b>TGLA227</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	13	77	0,0002	9			
		79	0,0236		79	0,0303	
		81	0,0381		81	0,0353	
		83	0,0723		83	0,0683	
		85	0,0005				
		87	0,0372		87	0,0382	
		89	0,2228		89	0,2212	
		91	0,3970		91	0,4096	
		93	0,1520		93	0,1469	
		95	0,0013		95	0,0001	
		97	0,0548		97	0,0501	
		99	0,0001				
		103	0,0001				

<b>Locus BM1818</b>				<b>BM1818</b>		
N		3699		3628		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	256	0,0003	6		
		258	0,0007			
		260	0,0441		260	0,0442
		262	0,3158		262	0,3175
		264	0,0126		264	0,0123
		266	0,5742		266	0,5736
		268	0,0181		268	0,0181
		270	0,0343		270	0,0343
<b>Locus ETH3</b>				<b>ETH3</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	103	0,0001	7		
		115	0,0017		115	0,0012
		117	0,5476		117	0,5348
		119	0,4367		119	0,4498
		121	0,0048		121	0,0055
		123	0,0001			
		125	0,0067		125	0,0064
		127	0,0014		127	0,0017
		129	0,0009		129	0,0005
		131	0,0001			
<b>Locus TGLA53</b>				<b>TGLA53</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	15	154	0,1028	9	154	0,1018
		158	0,0004			
		160	0,3224		160	0,3142
		162	0,3120		162	0,3263
		164	0,0211		164	0,0246
		168	0,0038		168	0,0034
		170	0,0264		170	0,0257
		172	0,1936		172	0,1903
		174	0,0006			
		176	0,0099		176	0,0084
		178	0,0004			
		180	0,0003			
		182	0,0001			
		186	0,0062		186	0,0054
		188	0,0001			
<b>Locus RM067</b>						
N		164				
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>			
	5	90	0,0671			
		94	0,3780			
		96	0,0274			
		98	0,0030			
		102	0,5244			
<b>Locus CSRM60</b>						
N		59				
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>			
	7	92	0,0169			
		94	0,0085			
		96	0,0678			
		98	0,2797			
		100	0,0508			
		102	0,4661			
		104	0,1102			
<b>Locus MGTG4B</b>						
N		100				
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>			
		133	0,1300			
		135	0,1550			
		137	0,0900			
		139	0,2200			
		141	0,0100			
		143	0,1300			
		145	0,1700			
		147	0,0350			
		149	0,0250			
		151	0,0350			

<b>Locus CSSM66</b>			
N	59		
	N° alelos	Alelo	Frecuencia
	8	183	0,0763
		185	0,0932
		187	0,2119
		189	0,0932
		193	0,2288
		195	0,0508
		197	0,1949
		199	0,0508

  

<b>Locus ILSTS06</b>			
N	53		
	N° alelos	Alelo	Frecuencia
	8	282	0,0094
		286	0,0094
		288	0,2264
		292	0,3679
		294	0,3019
		296	0,0472
		298	0,0189
		300	0,0189

## HOLANDO

<b>Total análisis</b>				<b>Análisis con BM1818</b>		
N	2791			N	1833	
<b>Locus</b>		<b>BM1824</b>		<b>BM1824</b>		
	N° alelos	Alelo	Frecuencia	N° alelos	Alelo	Frecuencia
	6	178	0,2318	5	178	0,2201
		180	0,2168		180	0,2062
		182	0,1303		182	0,1323
		184	0,0002			
		188	0,3809		188	0,4037
		190	0,0400		190	0,0376
<b>Locus</b>		<b>BM2113</b>		<b>BM2113</b>		
	N° alelos	Alelo	Frecuencia	N° alelos	Alelo	Frecuencia
	11	121	0,0002	7		
		123	0,0004			
		125	0,2389		125	0,2349
		127	0,2100		127	0,2063
		129	0,0014		129	0,0008
		133	0,0105		133	0,0105
		135	0,3641		135	0,3761
		137	0,0953		137	0,0888
		139	0,0788		139	0,0826
		141	0,0002			
		143	0,0002			
<b>Locus</b>		<b>ETH10</b>		<b>ETH10</b>		
	N° alelos	Alelo	Frecuencia	N° alelos	Alelo	Frecuencia
	9	209	0,0333	8	209	0,0354
		211	0,0002			
		213	0,0566		213	0,0568
		215	0,0041		215	0,0024
		217	0,1876		217	0,1809
		219	0,5258		219	0,5238
		221	0,0233		221	0,0181
		223	0,0526		223	0,0568
		225	0,1164		225	0,1257

<b>Locus</b>		<b>ETH225</b>		<b>ETH225</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	140	0,1148	7	140	0,1143
		142	0,0085		142	0,0076
		144	0,0314		144	0,0326
		146	0,0282		146	0,0282
		148	0,3550		148	0,3553
		150	0,3852		150	0,3931
		152	0,0758		152	0,0689
		160	0,0007			
		162	0,0004			
<b>Locus</b>		<b>INRA023</b>		<b>INRA023</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	198	0,0029	7	198	0,0022
		200	0,0121		200	0,0146
		202	0,1954		202	0,1899
		204	0,0004			
		206	0,2400		206	0,2263
		208	0,0282		208	0,0254
		210	0,2755		210	0,2783
		212	0,0004			
		214	0,2451		214	0,2635
		216	0,0002			
<b>Locus</b>		<b>SPS115</b>		<b>SPS115</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	246	0,0005	7		
		248	0,6129		248	0,6052
		250	0,0018		250	0,0022
		252	0,1668		252	0,173
		254	0,0634		254	0,0667
		256	0,1175		256	0,1204
		258	0,0116		258	0,0095
		260	0,0254		260	0,023
<b>Locus</b>		<b>TGLA122</b>		<b>TGLA122</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	18	139	0,0061	13	139	0,0065
		141	0,0014		141	0,0016
		143	0,3134		143	0,3009
		145	0,0002			
		147	0,0007			
		149	0,2198		149	0,2183
		151	0,0607		151	0,0683
		153	0,0151		153	0,0113
		155	0,0004			
		159	0,0023		159	0,0019
		161	0,0802		161	0,0769
		163	0,1368		163	0,1419
		167	0,0002			
		169	0,0002			
		171	0,0669		171	0,0637
		173	0,0198		173	0,0181
		181	0,0027		181	0,0038
		183	0,0731		183	0,0869
<b>Locus</b>		<b>TGLA126</b>		<b>TGLA126</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	113	0,0007	5		
		115	0,3258		115	0,326
		117	0,5243		117	0,5246
		119	0,0306		119	0,0286
		121	0,0738		121	0,0775
		123	0,0445		123	0,0432
		125	0,0004			

<i>Locus</i>		<b>TGLA227</b>			<b>TGLA227</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	14	77	0,0002	10			
		79	0,0002				
		81	0,0551		81	0,0517	
		83	0,1090		83	0,0989	
		85	0,0006				
		87	0,0490		87	0,0566	
		89	0,1820		89	0,1991	
		91	0,1746		91	0,1774	
		93	0,0361		93	0,036	
		95	0,0022		95	0,0027	
		97	0,2729		97	0,253	
		99	0,0222		99	0,0222	
		101	0,0004				
		103	0,0956		103	0,1024	
<i>Locus</i>		<b>BM1818</b>			<b>BM1818</b>		
<i>N</i>	1149			1140			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	7	258	0,0104	7	258	0,0105	
		260	0,0030		260	0,0031	
		262	0,4269		262	0,4263	
		264	0,0596		264	0,0596	
		266	0,4395		266	0,4404	
		268	0,0400		268	0,0395	
		270	0,0205		270	0,0206	
<i>Locus</i>		<b>ETH3</b>			<b>ETH3</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	9	115	0,0009	8			
		117	0,4288		117	0,4417	
		119	0,0074		119	0,0079	
		121	0,0048		121	0,0037	
		123	0,0011		123	0,0003	
		125	0,1193		125	0,0984	
		127	0,1403		127	0,1295	
		129	0,2941		129	0,3159	
		131	0,0032		131	0,0025	
<i>Locus</i>		<b>TGLA53</b>			<b>TGLA53</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	18	154	0,0319	14	154	0,0267	
		156	0,0004				
		158	0,1234		158	0,1195	
		160	0,1767		160	0,182	
		162	0,2661		162	0,2594	
		164	0,0035		164	0,0023	
		166	0,0321		166	0,0348	
		168	0,1001		168	0,1081	
		170	0,0090		170	0,0059	
		172	0,0090		172	0,0101	
		174	0,0002				
		176	0,1338		176	0,1322	
		178	0,0012		178	0,0007	
		180	0,0006				
		182	0,0014		182	0,0013	
		184	0,0208		184	0,0257	
		186	0,0891		186	0,0915	
		188	0,0008				
<i>Locus</i>		<b>RM067</b>					
<i>N</i>	285						
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>				
	6	90	0,2561				
		92	0,4140				
		94	0,1246				
		96	0,0895				
		98	0,0351				
		102	0,0807				

<b>Locus CSR60</b>			
N	13		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	92	0,1154
		96	0,1538
		98	0,0769
		100	0,1538
		102	0,5000
<b>Locus MGT4B</b>			
N	311		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	12	133	0,0048
		134	0,0016
		135	0,2556
		139	0,0161
		141	0,4148
		143	0,0900
		145	0,0016
		147	0,0064
		149	0,0997
		151	0,0643
		153	0,0434
		155	0,0016
<b>Locus CSSM66</b>			
N	14		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
		179	0,1071
		183	0,1429
		185	0,1429
		187	0,0357
		189	0,4286
		193	0,1071
		197	0,0357
<b>Locus ILSTS06</b>			
N	15		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	127	0,0333
		133	0,0333
		288	0,2333
		292	0,2000
		294	0,5000

## ABERDEEN ANGUS

<b>Total análisis</b>				<b>Análisis con BM1818</b>		
N	8371			N	4548	
<b>Locus BM1824</b>				<b>BM1824</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	178	0,3935	4	178	0,3889
		180	0,1141		180	0,1130
		182	0,2404		182	0,2469
		184	0,0002			
		188	0,2513		188	0,2512
		190	0,0005			
		192	0,0001			
<b>Locus BM2113</b>				<b>BM2113</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	125	0,1564	7	125	0,1585
		127	0,0293		127	0,0292
		129	0,0002			
		131	0,0002			
		133	0,2292		133	0,2321
		135	0,2919		135	0,2825
		137	0,0557		137	0,0559
		139	0,1761		139	0,1745
		141	0,0607		141	0,0671
		143	0,0001			

<i>Locus</i>		<b>ETH10</b>			<b>ETH10</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	8	211	0,0001	5			
		213	0,0007		215	0,0751	
		215	0,0805		217	0,5238	
		217	0,5216		219	0,1902	
		219	0,1855		221	0,1924	
		221	0,1944		223	0,0185	
		223	0,0173				
		225	0,0001				
<i>Locus</i>		<b>ETH225</b>			<b>ETH225</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	9	140	0,0492	5	140	0,0443	
		142	0,0004		144	0,2075	
		144	0,2150		146	0,2017	
		146	0,1897		148	0,2690	
		148	0,2691		150	0,2774	
		150	0,2761				
		152	0,0001				
		154	0,0004				
		160	0,0001				
<i>Locus</i>		<b>INRA023</b>			<b>INRA023</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	11	198	0,0011	9	198	0,0003	
		200	0,0778		200	0,0745	
		202	0,1464		202	0,1453	
		204	0,0005				
		206	0,4625		206	0,4686	
		208	0,2176		208	0,2133	
		210	0,0022		210	0,0030	
		212	0,0025		212	0,0035	
		214	0,0867		214	0,0885	
		216	0,0027		216	0,0029	
		218	0,0001				
<i>Locus</i>		<b>SPS115</b>			<b>SPS115</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	11	240	0,0054	8	240	0,0052	
		244	0,0001				
		246	0,0003		248	0,5246	
		248	0,5173		250	0,0015	
		250	0,0013		252	0,0482	
		252	0,0548		254	0,2557	
		254	0,2549		256	0,0126	
		256	0,0136		258	0,0010	
		258	0,0019		260	0,1511	
		260	0,1500				
		262	0,0001				
<i>Locus</i>		<b>TGLA122</b>			<b>TGLA122</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	18	141	0,0059	10	141	0,0062	
		143	0,1863		143	0,1867	
		147	0,0011		147	0,0012	
		149	0,0010		149	0,0011	
		151	0,6155		151	0,6204	
		153	0,0041		153	0,0037	
		155	0,0612		155	0,0640	
		157	0,0234		157	0,0225	
		161	0,0949		161	0,0885	
		163	0,0001				
		165	0,0001				
		169	0,0001				
		171	0,0002				
		173	0,0001				
		175	0,0001				
		179	0,0001				
		181	0,0001				
		183	0,0059		183	0,0057	

<i>Locus</i>		<b>TGLA126</b>			<b>TGLA126</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	9	109	0,0001	6			
		113	0,0849		113	0.0842	
		115	0,3939		115	0.3867	
		117	0,3763		117	0.3879	
		119	0,0010		119	0.0012	
		121	0,0094		121	0.0098	
		123	0,1335		123	0.1302	
		125	0,0008				
		127	0,0002				
<i>Locus</i>		<b>TGLA227</b>			<b>TGLA227</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	12	77	0,0002	8			
		79	0,0001				
		81	0,1461		81	0.1398	
		83	0,0139		83	0.0129	
		87	0,1475		87	0.1462	
		89	0,2586		89	0.2554	
		91	0,0624		91	0.0703	
		93	0,1201		93	0.1251	
		95	0,0019		95	0.0013	
		97	0,2485		97	0.2490	
		101	0,0001				
		103	0,0005				
<i>Locus</i>		<b>BM1818</b>			<b>BM1818</b>		
<i>N</i>	4124			4065			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	10	250	0,0002	7			
		256	0,0001				
		258	0,0377		258	0.0380	
		260	0,0021		260	0.0021	
		262	0,2741		262	0.2752	
		264	0,0906		264	0.0910	
		266	0,4071		266	0.4060	
		268	0,0338		268	0.0337	
		270	0,1540		270	0.1540	
		272	0,0002				
<i>Locus</i>		<b>ETH3</b>			<b>ETH3</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	10	103	0,0001	7			
		109	0,0003				
		115	0,0014		115	0.0007	
		117	0,4854		117	0.4984	
		119	0,0601		119	0.0602	
		121	0,2394		121	0.2330	
		123	0,0051		123	0.0030	
		125	0,1435		125	0.1417	
		127	0,0646		127	0.0630	
		129	0,0001				
<i>Locus</i>		<b>TGLA53</b>			<b>TGLA53</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	16	154	0,0146	12	154	0.0144	
		158	0,0158		158	0.0136	
		160	0,4602		160	0.4407	
		162	0,0331		162	0.0365	
		164	0,0353		164	0.0333	
		166	0,0009				
		168	0,1301		168	0.1326	
		170	0,1287		170	0.1393	
		172	0,0021		172	0.0038	
		174	0,0062		174	0.0060	
		176	0,1624		176	0.1695	
		178	0,0020		178	0.0003	
		180	0,0002				
		182	0,0081		182	0.0100	
		184	0,0001				
		186	0,0001				

<b>Locus RM067</b>			
N	270		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	90	0,2889
		92	0,0778
		94	0,0574
		96	0,1296
		100	0,0019
		102	0,4444
<b>Locus CSRM60</b>			
N	59		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	90	0,0085
		92	0,0254
		94	0,0254
		96	0,0424
		98	0,0169
		100	0,4068
		102	0,1864
		104	0,2881
<b>Locus MGTG4B</b>			
N	60		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	133	0,2417
		135	0,4167
		137	0,0083
		139	0,1167
		141	0,0667
		143	0,0750
		145	0,0333
		147	0,0417
<b>Locus CSSM66</b>			
N	56		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	183	0,0893
		185	0,0179
		187	0,4911
		189	0,1250
		193	0,0089
		197	0,2589
		199	0,0089
<b>Locus ILSTS06</b>			
N	51		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	282	0,0098
		284	0,0196
		288	0,2745
		290	0,2059
		292	0,0980
		294	0,2647
		296	0,0686
		298	0,0588

### ABERDEEN ANGUS PURO CONTROLADO.

<b>Total análisis</b>				<b>Análisis con BM1818</b>		
<b>N</b>	<b>758</b>			<b>N</b>	<b>349</b>	
<b>Locus BM1824</b>				<b>BM1824</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	178	0,3555	5	178	0,3725
		180	0,1471		180	0,1289
		182	0,2493		182	0,2350
		188	0,2447		188	0,2579
		190	0,0033		190	0,0057

<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>			<b>BM2113</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	121	0,0007	9	121	0,0014
		125	0,1792		125	0,2178
		127	0,0384		127	0,0344
		131	0,0013		131	0,0029
		133	0,1812		133	0,1963
		135	0,3472		135	0,3195
		137	0,0688		137	0,0473
		139	0,1462		139	0,1476
		141	0,0370		141	0,0330
<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>			<b>ETH10</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	211	0,0013	7	211	0,0029
		213	0,0033		213	0,0029
		215	0,0747		215	0,0761
		217	0,4974		217	0,5115
		219	0,1845		219	0,1810
		221	0,2302		221	0,2198
		223	0,0073		223	0,0057
		225	0,0013			
<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>			<b>ETH225</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	140	0,0661	6	140	0,0546
		144	0,2114		144	0,1983
		146	0,1539		146	0,1667
		148	0,2939		148	0,2874
		150	0,2715		150	0,2917
		152	0,0013			
		160	0,0020		160	0,0014
<b>Locus</b>	<b>INRA23</b>			<b>INRA023</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	200	0,0646	8	200	0,0731
		202	0,1154		202	0,1318
		206	0,4241		206	0,4226
		208	0,2421		208	0,2321
		210	0,0119		210	0,0100
		212	0,0026		212	0,0029
		214	0,1339		214	0,1261
		216	0,0053		216	0,0014
<b>Locus</b>	<b>SPS115</b>			<b>SPS115</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	240	0,0080	8	240	0,0100
		248	0,4608		248	0,4656
		250	0,0027		250	0,0029
		252	0,0578		252	0,0616
		254	0,2855		254	0,2937
		256	0,0259		256	0,0172
		258	0,0033		258	0,0014
		260	0,1554		260	0,1476
		262	0,0007			
<b>Locus</b>	<b>TGLA122</b>			<b>TGLA122</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	14	141	0,0092	13	141	0,0072
		143	0,1689		143	0,1648
		145	0,0007		145	0,0014
		147	0,0020		147	0,0014
		149	0,0059		149	0,0057
		151	0,6273		151	0,6203
		153	0,0046		153	0,0029
		155	0,0330		155	0,0330
		157	0,0165		157	0,0244
		161	0,1141		161	0,1160
		163	0,0013		163	0,0029
		169	0,0013		169	0,0029
		171	0,0007			
		183	0,0145		183	0,0172

<b>Locus</b>	<b>TGLA126</b>			<b>TGLA126</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	113	0,1148	6	113	0,1060
		115	0,3582		115	0,3668
		117	0,3529		117	0,3840
		119	0,0053		119	0,0043
		121	0,0257		121	0,0229
		123	0,1431		123	0,1160
<b>Locus</b>	<b>TGLA227</b>			<b>TGLA227</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	11	77	0,0034	10	77	0,0029
		79	0,0014		81	0,1519
		81	0,1791		83	0,0301
		83	0,0216		87	0,1519
		87	0,1453		89	0,2794
		89	0,2824		91	0,0573
		91	0,0426		93	0,1261
		93	0,1189		95	0,0014
		95	0,0020		97	0,1963
		97	0,2014		103	0,0029
		103	0,0020			
<b>Locus</b>	<b>BM1818</b>			<b>BM1818</b>		
<i>N</i>	349			<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	7	258	0,0272
	7	258	0,0272		262	0,2650
		262	0,2650		264	0,1289
		264	0,1289		266	0,3983
		266	0,3983		268	0,0430
		268	0,0430		270	0,1361
		270	0,1361		272	0,0014
		272	0,0014			
<b>Locus</b>	<b>ETH3</b>			<b>ETH3</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	103	0,0007	8	109	0,0043
		109	0,0020		115	0,0043
		115	0,0020		117	0,4642
		117	0,4479		119	0,0788
		119	0,0937		121	0,2450
		121	0,2434		123	0,0115
		123	0,0125		125	0,1361
		125	0,1451		127	0,0559
		127	0,0528			
<b>Locus</b>	<b>TGLA53</b>			<b>TGLA53</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	14	154	0,0295	12	154	0,0399
		158	0,0262		158	0,0251
		160	0,4785		160	0,4808
		162	0,0383		162	0,0577
		164	0,0436		164	0,0340
		166	0,0007		168	0,0917
		168	0,0987		170	0,0962
		170	0,0953		172	0,0222
		172	0,0154		174	0,0059
		174	0,0114		176	0,1420
		176	0,1570		182	0,0030
		178	0,0013		186	0,0015
		182	0,0020			
		186	0,0020			

## NORMANDA

Total análisis				Análisis con BM1818		
<b>N</b>	<b>333</b>			<b>N</b>	<b>168</b>	
<b>Locus</b>	<b>BM1824</b>			<b>BM1824</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	178	0,3063	5	178	0,2976
		180	0,1486		180	0,1488
		182	0,2012		182	0,1905
		188	0,3423		188	0,3601
		190	0,0015		190	0,0030
<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>			<b>BM2113</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	121	0,0015	8		
		125	0,1873		125	0,1786
		127	0,1465		127	0,1190
		131	0,0347		131	0,0179
		133	0,0378		133	0,0387
		135	0,3293		135	0,3631
		137	0,1178		137	0,1250
		139	0,1254		139	0,1369
		141	0,0196		141	0,0208
<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>			<b>ETH10</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	209	0,0623	7	209	0,0655
		211	0,0015			
		213	0,0061		213	0,0030
		217	0,6170		217	0,6101
		219	0,2158		219	0,2589
		221	0,0638		221	0,0476
		223	0,0319		223	0,0119
		225	0,0015		225	0,0030
<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>			<b>ETH225</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	140	0,2045	6	140	0,2036
		142	0,0015		142	0,0030
		144	0,2606		144	0,2575
		146	0,0788		146	0,0928
		148	0,2394		148	0,2665
		150	0,2152		150	0,1766
<b>Locus</b>	<b>INRA023</b>			<b>INRA023</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	11	198	0,0211	10	198	0,0210
		200	0,0633		200	0,0419
		202	0,0030			
		206	0,1386		206	0,1078
		208	0,2530		208	0,2994
		210	0,0813		210	0,0629
		212	0,0181		212	0,0090
		214	0,1099		214	0,1168
		216	0,2349		216	0,2455
		218	0,0663		218	0,0808
		220	0,0105		220	0,0150
<b>Locus</b>	<b>SPS115</b>			<b>SPS115</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	248	0,3825	5	248	0,3452
		250	0,0015			
		252	0,3072		252	0,3482
		254	0,1792		254	0,1756
		256	0,0663		256	0,0744
		260	0,0633		260	0,0565

<b>Locus</b>	<b>TGLA122</b>			<b>TGLA122</b>		
	N° alelos	Alelo	Frecuencia	N° alelos	Alelo	Frecuencia
	12	141	0,0075	9	141	0,0089
		143	0,2364		143	0,2411
		147	0,0015		149	0,0030
		149	0,0015		151	0,2500
		151	0,2831		153	0,0060
		153	0,0120		155	0,0327
		155	0,0407		157	0,3155
		157	0,2786		161	0,1190
		161	0,1024		175	0,0238
		175	0,0301			
		177	0,0030			
		183	0,0030			
<b>Locus</b>	<b>TGLA126</b>			<b>TGLA126</b>		
	N° alelos	Alelo	Frecuencia	N° alelos	Alelo	Frecuencia
	6	113	0,0061	6	113	0,0089
		115	0,4864		115	0,5119
		117	0,1500		117	0,1220
		119	0,1061		119	0,0893
		121	0,0106		121	0,0119
		123	0,2409		123	0,2560
<b>Locus</b>	<b>TGLA227</b>			<b>TGLA227</b>		
	N° alelos	Alelo	Frecuencia	N° alelos	Alelo	Frecuencia
	10	79	0,0046	9		
		81	0,1631		81	0,1577
		83	0,1936		83	0,2173
		87	0,0076		87	0,0089
		89	0,1280		89	0,1161
		91	0,0854		91	0,0744
		93	0,0366		93	0,0446
		95	0,0259		95	0,0179
		97	0,3140		97	0,3095
		101	0,0412		101	0,0536
<b>Locus</b>	<b>BM1818</b>			<b>BM1818</b>		
<b>N</b>	182					
	N° alelos	Alelo	Frecuencia	N° alelos	Alelo	Frecuencia
	7	250	0,0769	7	250	0,0833
		260	0,0082		260	0,0089
		262	0,3901		262	0,4137
		264	0,0247		264	0,0119
		266	0,4148		266	0,4048
		268	0,0769		268	0,0685
		270	0,0082		270	0,0089
<b>Locus</b>	<b>ETH3</b>			<b>ETH3</b>		
	N° alelos	Alelo	Frecuencia	N° alelos	Alelo	Frecuencia
	9	109	0,0034	8	109	0,0030
		115	0,0017		115	0,0030
		117	0,4428		117	0,4643
		119	0,0960		119	0,0774
		121	0,0286		121	0,0327
		123	0,0034		123	0,0030
		125	0,3114		125	0,3244
		127	0,1094		127	0,0923
		131	0,0034			
<b>Locus</b>	<b>TGLA53</b>			<b>TGLA53</b>		
	N° alelos	Alelo	Frecuencia	N° alelos	Alelo	Frecuencia
	12	154	0,0510	11	154	0,0545
		160	0,2959		160	0,3000
		162	0,1139		162	0,1273
		164	0,1701		164	0,1364
		166	0,0204		166	0,0273
		168	0,1190		168	0,1030
		170	0,1888		170	0,2000
		172	0,0153		172	0,0242
		176	0,0034		176	0,0030
		182	0,0017		182	0,0030
		184	0,0187		184	0,0212
		190	0,0017			

## BRAFORD

En esta raza todos los genotipos analizados tienen amplificado el marcador BM1818.

<b>N</b>	<b>91</b>		
<b>Locus</b>	<b>BM1824</b>		
	<i>Nº alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	178	0,2033
		180	0,1319
		182	0,3571
		188	0,2747
		190	0,0055
		192	0,0275
<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>		
	<i>Nº alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	125	0,0769
		127	0,1648
		129	0,1319
		133	0,0165
		135	0,1044
		137	0,0879
		139	0,2363
		141	0,1813
<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>		
	<i>Nº alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	209	0,3681
		211	0,0165
		213	0,2088
		215	0,0604
		217	0,0110
		219	0,0714
		221	0,2637
<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>		
	<i>Nº alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	140	0,2069
		144	0,1092
		146	0,2126
		148	0,2586
		150	0,0747
		154	0,1207
		158	0,0115
		160	0,0057
<b>Locus</b>	<b>INRA023</b>		
	<i>Nº alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	196	0,0055
		202	0,0604
		206	0,1044
		208	0,0220
		210	0,0385
		212	0,0165
		214	0,7363
		216	0,0165
<b>Locus</b>	<b>SPS115</b>		
	<i>Nº alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	248	0,2802
		250	0,0275
		252	0,2088
		254	0,1319
		256	0,0824
		258	0,0385
		260	0,2308

<b>Locus TGLA122</b>			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	137	0,0278
		143	0,2722
		147	0,1722
		149	0,0778
		151	0,2056
		153	0,0222
		161	0,2111
		167	0,0056
		183	0,0056
<b>Locus TGLA126</b>			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	115	0,3352
		117	0,0549
		119	0,0440
		121	0,2363
		123	0,3242
		125	0,0055
<b>Locus TGLA227</b>			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	77	0,0934
		79	0,0055
		81	0,1319
		83	0,2253
		87	0,1319
		89	0,2033
		91	0,1429
		93	0,0549
		95	0,0055
		97	0,0055
<b>Locus BM1818</b>			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	260	0,0562
		262	0,1573
		264	0,0225
		266	0,3202
		268	0,2584
		270	0,1854
<b>Locus ETH3</b>			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	103	0,1266
		115	0,4620
		117	0,2911
		119	0,0570
		121	0,0063
		125	0,0190
		127	0,0380
<b>Locus TGLA53</b>			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	154	0,1139
		158	0,0506
		160	0,2152
		162	0,1899
		168	0,3165
		172	0,0759
		176	0,0190
		182	0,0190

## BRAFORD CONTROLADO

Total análisis				Análisis con BM1818		
<i>N</i>	290			<i>N</i>	142	
<b>Locus</b>	<b>BM1824</b>			<b>Locus</b>	<b>BM1824</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>N° alelos</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	178	0,2249		6	0,2500
		180	0,2111			0,2148
		182	0,4135			0,3803
		188	0,1176			0,1092
		190	0,0087			0,0070
		192	0,0242			0,0387
<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>			<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>N° alelos</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	125	0,0328		9	0,0246
		127	0,0483			0,0423
		129	0,1259			0,1056
		131	0,0052			0,0035
		133	0,1138			0,1056
		135	0,2603			0,2606
		137	0,0483			0,0352
		139	0,2414			0,3099
		141	0,1207			0,1127
		143	0,0034			
<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>			<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>N° alelos</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	209	0,1632		7	0,1773
		211	0,0781			0,0426
		213	0,1927			0,2411
		215	0,0573			0,0532
		217	0,1233			0,1135
		219	0,2153			0,2163
		221	0,1701			0,1560
<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>			<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>N° alelos</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	140	0,1934		10	0,2036
		142	0,0087			0,0179
		144	0,1272			0,1107
		146	0,0679			0,075
		148	0,2317			0,2679
		150	0,1481			0,1321
		152	0,0070			0,0036
		154	0,0505			0,0429
		158	0,0035			0,0071
		160	0,1620			0,1393
<b>Locus</b>	<b>INRA023</b>			<b>Locus</b>	<b>INRA023</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>N° alelos</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	194	0,0363		9	0,0213
		196	0,0450			0,0319
		198	0,0087			0,0106
		200	0,0017			
		202	0,0640			0,0603
		206	0,1696			0,195
		208	0,1003			0,0993
		210	0,0450			0,0461
		214	0,4862			0,4787
		216	0,0433			0,0567
<b>Locus</b>	<b>SPS115</b>			<b>Locus</b>	<b>SPS115</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>N° alelos</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	246	0,0139		8	0,0106
		248	0,3090			0,2695
		250	0,0347			0,0355
		252	0,1163			0,1383
		254	0,0399			0,0426
		256	0,1111			0,0993
		258	0,0451			0,0284
		260	0,3299			0,3759

<b>Locus</b>	<b>TGLA122</b>			<b>Locus</b>	<b>TGLA122</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>N° alelos</i>	<i>Frecuencia</i>
	13	137	0,0437		12	0,0390
		141	0,0175		141	0,0248
		143	0,3112		143	0,3121
		145	0,0017		145	0,0035
		147	0,1031		147	0,1454
		149	0,0402		149	0,0532
		151	0,2063		151	0,2021
		153	0,0647		153	0,0390
		157	0,0017			
		161	0,1678		161	0,1418
		167	0,0017		167	0,0035
		169	0,0070		169	0,0071
		183	0,0332		183	0,0284
<b>Locus</b>	<b>TGLA126</b>			<b>Locus</b>	<b>TGLA126</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>N° alelos</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	113	0,0104		8	0,0035
		115	0,3750		115	0,3404
		117	0,1840		117	0,1631
		119	0,0469		119	0,0496
		121	0,1788		121	0,1950
		123	0,1215		123	0,1986
		125	0,0677		125	0,0390
		127	0,0156		127	0,0106
<b>Locus</b>	<b>TGLA227</b>			<b>Locus</b>	<b>TGLA227</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>N° alelos</i>	<i>Frecuencia</i>
	11	77	0,2195		11	0,2042
		79	0,1481		79	0,0775
		81	0,0592		81	0,0458
		83	0,0662		83	0,0986
		85	0,0017		85	0,0035
		87	0,0767		87	0,0775
		89	0,1185		89	0,1056
		91	0,1847		91	0,2359
		93	0,0819		93	0,0986
		95	0,0035		95	0,0035
		97	0,0401		97	0,0493
<b>Locus</b>	<b>BM1818</b>			<b>Locus</b>	<b>BM1818</b>	
<i>N</i>	142			<i>N</i>	142	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>N° alelos</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	258	0,0035		8	0,0035
		260	0,0669		260	0,0669
		262	0,2394		262	0,2394
		264	0,1127		264	0,1127
		266	0,4085		266	0,4085
		268	0,0599		268	0,0599
		270	0,1056		270	0,1056
		272	0,0035		272	0,0035
<b>Locus</b>	<b>ETH3</b>			<b>Locus</b>	<b>ETH3</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>N° alelos</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	103	0,0231		8	0,0354
		113	0,0019		113	0,0044
		115	0,2231		115	0,2522
		117	0,5673		117	0,5442
		119	0,1346		119	0,1239
		121	0,0115		121	0,0044
		125	0,0192		125	0,0177
		129	0,0192		129	0,0177

<b>Locus TGLA53</b>				<b>Locus TGLA53</b>			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	13	154	0,1173		11	154	0,1250
		158	0,0038			160	0,3393
		160	0,3538			162	0,1830
		162	0,1538			164	0,0313
		164	0,0269			168	0,0982
		168	0,1173			170	0,0313
		170	0,0385			172	0,1205
		172	0,1308			176	0,0223
		174	0,0019			182	0,0045
		176	0,0115			186	0,0179
		182	0,0019			188	0,0268
		186	0,0077				
		188	0,0346				

## BRANGUS

<b>Total análisis</b>				<b>Análisis con BM1818</b>			
<i>N</i>	<b>69</b>			<b>29</b>			
<b>Locus</b>	<b>BM1824</b>			<b>BM1824</b>			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		
	4	178	0,4855	178	0.4138		
		180	0,1014	180	0.1379		
		182	0,3261	182	0.3448		
		188	0,0870	188	0.1034		
<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>			<b>BM2113</b>			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		
	8	125	0,1232	125	0.1207		
		129	0,0145	133	0.2069		
		133	0,1087	135	0.2759		
		135	0,3913	137	0.1034		
		137	0,0507	139	0.1207		
		139	0,1232	141	0.1552		
		141	0,1812	143	0.0172		
		143	0,0072				
<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>			<b>ETH10</b>			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		
	8	209	0,1304	209	0.0862		
		211	0,0870	211	0.0690		
		213	0,1812	213	0.1207		
		215	0,0652	215	0.1379		
		217	0,3261	217	0.3793		
		219	0,0942	219	0.1034		
		221	0,1087	221	0.0862		
		223	0,0072	223	0.0172		
<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>			<b>ETH225</b>			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		
	8	140	0,0725	140	0.0345		
		144	0,1522	144	0.2069		
		146	0,0507				
		148	0,1667	148	0.1897		
		150	0,1594	150	0.1552		
		154	0,0507	154	0.0345		
		158	0,0507				
		160	0,2971	160	0.3793		

<b>Locus INRA023</b>				<b>INRA023</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
7	194	0,0299		194	0.0179
	196	0,1119		196	0.0536
	202	0,0746		202	0.0357
	206	0,3507		206	0.3750
	208	0,0597		208	0.0714
	210	0,0448		210	0.0536
	214	0,3284		214	0.3929
<b>Locus SPS115</b>				<b>SPS115</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
8	244	0,0145			
	246	0,0290		246	0.0517
	248	0,4348		248	0.5172
	252	0,0580		252	0.0517
	254	0,1812		254	0.1724
	256	0,2029		256	0.1207
	258	0,0217		258	0.0172
	260	0,0580		260	0.0690
<b>Locus TGLA122</b>				<b>TGLA122</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
12	137	0,0821		137	0.1429
	143	0,1418		143	0.0536
	145	0,0075			
	149	0,0299		149	0.0179
	151	0,4776		151	0.5000
	153	0,0075			
	155	0,0075			
	157	0,0448			
	161	0,1567		161	0.2321
	167	0,0075		167	0.0179
	169	0,0299		169	0.0179
	173	0,0075		173	0.0179
<b>Locus TGLA126</b>				<b>TGLA126</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
7	113	0,0362		113	0.0172
	115	0,2029		115	0.3103
	117	0,3623		117	0.3621
	119	0,0797		119	0.1034
	121	0,0507		121	0.0862
	123	0,0797		123	0.0345
	125	0,1884		125	0.0862
<b>Locus TGLA227</b>				<b>TGLA227</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
7	77	0,3209		77	0.2241
	81	0,2313		81	0.3276
	83	0,0149		83	0.0172
	87	0,0373		87	0.0172
	89	0,1418		89	0.1379
	91	0,0075		91	0.0172
	97	0,2463		97	0.2586

<b>Locus BM1818</b>				<b>BM1818</b>	
<b>N</b>	29				
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	258	0,0345	258	0.0345
		262	0,2414	262	0.2414
		264	0,0690	264	0.0690
		266	0,3793	266	0.3793
		268	0,1724	268	0.1724
		270	0,0690	270	0.0690
		276	0,0345	276	0.0345
<b>Locus ETH3</b>				<b>ETH3</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	101	0,0076		
		103	0,0833	103	0.1481
		115	0,1591	115	0.1852
		117	0,4091	117	0.3519
		119	0,0606	119	0.0185
		121	0,1212	121	0.1111
		125	0,1515	125	0.1667
		127	0,0076	127	0.0185
<b>Locus TGLA53</b>				<b>TGLA53</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	11	160	0,3106	160	0.4038
		162	0,0530	162	0.0962
		164	0,0303		
		166	0,0152		
		168	0,1667	168	0.2115
		170	0,0758	170	0.0962
		172	0,0076	172	0.0192
		174	0,0076	174	0.0192
		176	0,2348	176	0.0962
		182	0,0758	182	0.0385
		188	0,0227	188	0.0192

## BRANGUS PREPARATORIO

<b>Total análisis</b>				<b>Análisis con BM1818</b>	
<b>N</b>	228			158	
<b>Locus BM1824</b>				<b>BM1824</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	178	0,4759	178	0.4399
		180	0,0965	180	0.1139
		182	0,3487	182	0.3418
		188	0,0768	188	0.1013
		190	0,0022	190	0.0032

<b>Locus BM2113</b>				<b>BM2113</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
12	121	0,0044		121	0.0032
	123	0,0022		123	0.0032
	125	0,1960		125	0.1688
	127	0,0419		127	0.0382
	129	0,0242		129	0.0287
	131	0,0088		131	0.0064
	133	0,0771		133	0.0541
	135	0,3326		135	0.3631
	137	0,0485		137	0.0573
	139	0,1211		139	0.1115
	141	0,1189		141	0.1338
	143	0,0242		143	0.0318
<b>Locus ETH10</b>				<b>ETH10</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
8	209	0,1732		209	0.1804
	211	0,0680		211	0.0411
	213	0,2763		213	0.2911
	215	0,0526		215	0.0601
	217	0,1864		217	0.2089
	219	0,1206		219	0.1266
	221	0,1184		221	0.0854
	223	0,0044		223	0.0063
<b>Locus ETH225</b>				<b>ETH225</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
9	140	0,1615		140	0.1529
	142	0,0044		142	0.0032
	144	0,1659		144	0.1815
	146	0,0951		146	0.0605
	148	0,1615		148	0.1911
	150	0,1150		150	0.1242
	154	0,0243		154	0.0287
	158	0,0022		158	0.0032
	160	0,2699		160	0.2548
<b>Locus INRA023</b>				<b>INRA023</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
11	194	0,0220		194	0.0190
	196	0,1035		196	0.0949
	198	0,0088		198	0.0063
	200	0,0088		200	0.0127
	202	0,0705		202	0.0854
	206	0,2952		206	0.2627
	208	0,1564		208	0.1582
	210	0,0110		210	0.0127
	212	0,0132		212	0.0127
	214	0,2907		214	0.3291
	216	0,0198		216	0.0063

<b>Locus SPS115</b>				<b>SPS115</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
10	240	0,0044			
	244	0,0022			
	246	0,0374		246	0.0316
	248	0,2952		248	0.3070
	250	0,0154		250	0.0222
	252	0,0441		252	0.0506
	254	0,3172		254	0.3070
	256	0,1784		256	0.1646
	258	0,0044		258	0.0063
	260	0,1013		260	0.1108
<b>Locus TGLA122</b>				<b>TGLA122</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
15	137	0,0727		137	0.0759
	141	0,0022		141	0.0032
	143	0,2577		143	0.2310
	145	0,0088		145	0.0127
	147	0,0044		147	0.0063
	149	0,0132		149	0.0158
	151	0,4405		151	0.4272
	153	0,0374		153	0.0538
	155	0,0044			
	161	0,1167		161	0.1297
	167	0,0022		167	0.0032
	169	0,0110		169	0.0127
	173	0,0044		173	0.0063
	175	0,0022			
	183	0,0220		183	0.0222
	<b>Locus TGLA126</b>				<b>TGLA126</b>
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
8	113	0,0793		113	0.0791
	115	0,1806		115	0.1835
	117	0,2467		117	0.2848
	119	0,0749		119	0.0791
	121	0,0683		121	0.0633
	123	0,1696		123	0.1646
	125	0,1762		125	0.1392
	127	0,0044		127	0.0063
<b>Locus TGLA227</b>				<b>TGLA227</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
12	77	0,2378		77	0.2468
	79	0,0089		79	0.0095
	81	0,2067		81	0.2057
	83	0,0111		83	0.0127
	85	0,0022		85	0.0032
	87	0,1289		87	0.1139
	89	0,1244		89	0.1424
	91	0,0400		91	0.0316
	93	0,0244		93	0.0316
	97	0,2067		97	0.1994
	99	0,0022		99	0.0032
	103	0,0067			

<b>Locus BM1818</b>				<b>BM1818</b>	
<b>N</b>	158				
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	258	0,0475	258	0.0475
		260	0,0063	260	0.0063
		262	0,1772	262	0.1772
		264	0,1329	264	0.1329
		266	0,4241	266	0.4241
		268	0,0823	268	0.0823
		270	0,1171	270	0.1171
		272	0,0032	272	0.0032
		276	0,0095	276	0.0095
<b>Locus ETH3</b>				<b>ETH3</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	101	0,0052		
		103	0,0773	103	0.0605
		115	0,1443	115	0.1774
		117	0,4485	117	0.4556
		119	0,0490	119	0.0282
		121	0,2139	121	0.2258
		125	0,0567	125	0.0484
		127	0,0052	127	0.0040
<b>Locus TGLA53</b>				<b>TGLA53</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	14	158	0,0053	158	0.0084
		160	0,2567	160	0.2899
		162	0,0561	162	0.0756
		164	0,0775	164	0.0798
		166	0,0080	166	0.0084
		168	0,1791	168	0.1597
		170	0,0561	170	0.0588
		172	0,0428	172	0.0294
		174	0,0027	174	0.0042
		176	0,2701	176	0.2269
		180	0,0027	180	0.0042
		182	0,0267	182	0.0336
		186	0,0053	186	0.0084
		188	0,0107	188	0.0126

## WAGYU

<b>Total análisis</b>				<b>Con BM1818</b>	
<b>N</b>	169			89	
<b>Locus BM1824</b>				<b>BM1824</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	4	178	0.1190	178	0.0899
		180	0.3036	180	0.3371
		182	0.1756	182	0.1798
		188	0.4018	188	0.3933

<b>Locus</b>		<b>BM2113</b>		<b>BM2113</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	125	0.0476	125	0.0449
		127	0.2202	127	0.2079
		131	0.0179	131	0.0169
		135	0.1101	135	0.1461
		137	0.2470	137	0.2809
		139	0.3571	139	0.3034
<b>Locus</b>		<b>ETH10</b>		<b>ETH10</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	213	0.0599	213	0.0730
		217	0.2275	217	0.2191
		219	0.0659	219	0.0393
		221	0.0060	221	0.0056
		223	0.0180	223	0.0056
		225	0.6228	225	0.6573
<b>Locus</b>		<b>ETH225</b>		<b>ETH225</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	140	0.0060	140	0.0056
		144	0.1928	144	0.1685
		146	0.0633	146	0.0674
		148	0.3554	148	0.4157
		150	0.3795	150	0.3427
		162	0.0030		
<b>Locus</b>		<b>INRA023</b>		<b>INRA023</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	198	0.4273	198	0.4326
		202	0.0030	206	0.2584
		204	0.0030	208	0.0337
		206	0.2212	212	0.1461
		208	0.0485	214	0.1124
		210	0.0030	216	0.0169
		212	0.1333		
		214	0.1303		
		216	0.0303		
<b>Locus</b>		<b>SPS115</b>		<b>SPS115</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	248	0.3494	248	0.4045
		250	0.0693	250	0.0730
		252	0.0361	252	0.0169
		254	0.0512	254	0.0393
		256	0.2108	256	0.1910
		260	0.2831	260	0.2753

<b>Locus TGLA122</b>				<b>TGLA122</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	143	0.2262	143	0.2135
		145	0.0149	145	0.0056
		149	0.0595	149	0.0562
		151	0.4167	151	0.4382
		153	0.2798	153	0.2865
		165	0.0030		
<b>Locus TGLA126</b>				<b>TGLA126</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	115	0.4315	115	0.4326
		117	0.2202	117	0.2303
		119	0.0149	119	0.0169
		121	0.2768	121	0.2528
		123	0.0565	123	0.0674
<b>Locus TGLA227</b>				<b>TGLA227</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	81	0.4759	81	0.5000
		87	0.1235	87	0.1207
		89	0.0873	89	0.1034
		91	0.0873	91	0.0402
		93	0.0693	93	0.0862
		97	0.1566	97	0.1494
<b>Locus BM1818</b>				<b>BM1818</b>	
N	89				
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	256	0.1629	256	0.1629
		258	0.0169	258	0.0169
		262	0.3034	262	0.3034
		266	0.5112	266	0.5112
		270	0.0056	270	0.0056
<b>Locus ETH3</b>				<b>ETH3</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	4	119	0.3546	119	0.3916
		121	0.1525	121	0.1506
		125	0.2730	125	0.2410
		127	0.2199	127	0.2169
<b>Locus TGLA53</b>				<b>TGLA53</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	12	154	0.0268	154	0.0305
		160	0.3490	160	0.4024
		162	0.1779	162	0.1463
		166	0.0101	166	0.0061
		168	0.1678	168	0.1646
		170	0.1376	170	0.1220
		176	0.0034		
		178	0.0034		
		180	0.0638	180	0.0671
		182	0.0034	182	0.0061
		184	0.0503	184	0.0488
		186	0.0067	186	0.0061

## CHAROLAIS

Total análisis				Análisis con BM181 8	
<b>N</b>	<b>142</b>			<b>73</b>	
<b>Locus</b>	<b>BM1824</b>			<b>BM1824</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	178	0,1809	178	0.1301
		180	0,1844	180	0.2192
		182	0,4184	182	0.4384
		188	0,2128	188	0.2123
		190	0,0035		
<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>			<b>BM2113</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	125	0,2000	125	0.1644
		127	0,0929	127	0.0822
		131	0,1607	131	0.1986
		133	0,1679	133	0.1986
		135	0,0786	135	0.0822
		137	0,1643	137	0.1301
		139	0,1143	139	0.1096
		141	0,0143	141	0.0205
		143	0,0071	143	0.0137
<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>			<b>ETH10</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	4	217	0,8972	217	0.9167
		219	0,0745	219	0.0417
		221	0,0106	221	0.0208
		223	0,0177	223	0.0208
<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>			<b>ETH225</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	140	0,1321	140	0.1620
		144	0,0857	144	0.0915
		146	0,0429	146	0.0775
		148	0,2821	148	0.2394
		150	0,4571	150	0.4296
<b>Locus</b>	<b>INRA023</b>			<b>INRA023</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	194	0,0036	194	0.0068
		200	0,0393	200	0.0411
		202	0,0464	202	0.0685
		204	0,0214	204	0.0342
		206	0,3286	206	0.3219
		208	0,1000	208	0.1164
		210	0,0179	210	0.0137
		212	0,1321	212	0.1370
		214	0,2464	214	0.2192
		218	0,0643	218	0.0411
<b>Locus</b>	<b>SPS115</b>			<b>SPS115</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	248	0,6223	248	0.5685
		252	0,1619	252	0.1849
		254	0,0432	254	0.0274
		256	0,0647	256	0.0616
		260	0,1043	260	0.1507
		261	0,0036	261	0.0068

<b>Locus</b>	<b>TGLA122</b>			<b>TGLA122</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	141	0,0246	141	0.0342
		143	0,3979	143	0.3562
		147	0,0634	147	0.0479
		149	0,0563	149	0.0685
		151	0,2500	151	0.2877
		153	0,0458	153	0.0342
		155	0,0035		
		157	0,0880	157	0.1096
		161	0,0176		
		179	0,0528	179	0.0616
<b>Locus</b>	<b>TGLA126</b>			<b>TGLA126</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	115	0,4894	115	0.4795
		117	0,2305	117	0.2466
		119	0,0106	119	0.0137
		121	0,0284	121	0.0205
		123	0,2411	123	0.2397
<b>Locus</b>	<b>TGLA227</b>			<b>TGLA122</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	77	0,0365	77	0.0479
		79	0,0255	79	0.0342
		81	0,1752	81	0.1438
		83	0,1168	83	0.1164
		85	0,0109	85	0.0137
		87	0,0219	87	0.0205
		89	0,3504	89	0.3493
		91	0,1934	91	0.1918
		93	0,0073	93	0.0137
		97	0,0620	97	0.0685
<b>Locus</b>	<b>BM1818</b>			<b>BM1818</b>	
N	73				
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	258	0,0205	258	0.0205
		260	0,0068	260	0.0068
		262	0,2808	262	0.2808
		264	0,1438	264	0.1438
		266	0,4041	266	0.4041
		268	0,0205	268	0.0205
		270	0,1233	270	0.1233
<b>Locus</b>	<b>ETH3</b>			<b>ETH3</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	115	0,0120		
		117	0,4720	117	0.4848
		119	0,0640	119	0.0758
		121	0,1040	121	0.1288
		123	0,0800	123	0.0606
		125	0,2520	125	0.2348
		127	0,0160	127	0.0152

<b>Locus</b>	<b>TGLA53</b>			<b>TGLA53</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	11	154	0,1229	154	0.0968
		158	0,1441	158	0.1290
		160	0,2627	160	0.3065
		162	0,0254	162	0.0323
		164	0,0254	164	0.0242
		166	0,1525	166	0.1048
		168	0,1102	168	0.1290
		170	0,0932	170	0.0887
		172	0,0424	172	0.0484
		176	0,0169	176	0.0323
		184	0,0042	184	0.0081

## SHORTHORN

<b>Total análisis</b>				<b>Análisis con BM1818</b>	
<b>N</b>	<b>108</b>			<b>N</b>	<b>46</b>
<b>Locus</b>	<b>BM1824</b>			<b>BM1824</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	4	178	0,1204	178	0.1630
		180	0,0509	180	0.0109
		182	0,7361	182	0.7391
		188	0,0926	188	0.0870
<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>			<b>BM2113</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	125	0,3704	125	0.3587
		127	0,0463	127	0.0217
		133	0,1343	133	0.1304
		135	0,0185	135	0.0109
		137	0,4120	137	0.4457
		139	0,0185	139	0.0326
<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>			<b>ETH10</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	209	0,0231	209	0.0326
		213	0,0370	213	0.0326
		215	0,2500	215	0.2500
		217	0,5093	217	0.4891
		219	0,0787	219	0.0978
		221	0,0602	221	0.0652
		223	0,0093		
		225	0,0324	225	0.0326
<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>			<b>ETH225</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	140	0,0694	140	0.0652
		144	0,0556	144	0.0870
		146	0,0046		
		148	0,3843	148	0.3370
		150	0,4861	150	0.5109
<b>Locus</b>	<b>INRA023</b>			<b>INRA023</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	198	0,0278	198	0.0217
		200	0,0324	200	0.0435
		202	0,3796	202	0.3152

		206	0,2130	206	0.1848
		208	0,0787	208	0.1196
		212	0,0046	212	0.0109
		214	0,2407	214	0.2717
		216	0,0231	216	0.0326
<b>Locus</b>	<b>SPS115</b>			<b>SPS115</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	3	248	0,6620	248	0.7174
		252	0,0093		
		254	0,3287	254	0.2826
<b>Locus</b>	<b>TGLA122</b>			<b>TGLA122</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	143	0,6620	143	0.6848
		147	0,0046	149	0.0543
		149	0,0370	151	0.2500
		151	0,2593	161	0.0109
		153	0,0046		
		155	0,0046		
		161	0,0278		
<b>Locus</b>	<b>TGLA126</b>			<b>TGLA126</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	113	0,0280	113	0.0444
		115	0,4720	115	0.4333
		117	0,2664	117	0.2667
		119	0,0093	119	0.0222
		121	0,0140	121	0.0333
		123	0,2103	123	0.2000
<b>Locus</b>	<b>TGLA227</b>			<b>TGLA227</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	77	0,0047		
		81	0,2664	81	0.2556
		87	0,1262	87	0.1000
		89	0,5187	89	0.5333
		91	0,0467	91	0.0556
		93	0,0327	93	0.0556
		97	0,0047		
<b>Locus</b>	<b>BM1818</b>			<b>BM1818</b>	
N	46				
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	258	0,2065	258	0.2065
		262	0,3370	262	0.3370
		264	0,0109	264	0.0109
		266	0,2935	266	0.2935
		268	0,0109	268	0.0109
		270	0,1413	270	0.1413
<b>Locus</b>	<b>ETH3</b>			<b>ETH3</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	117	0,0762	117	0.0581
		119	0,0143	119	0.0116
		121	0,7571	121	0.8023
		123	0,0048		
		125	0,1000	125	0.1163
		127	0,0476	127	0.0116

<b>Locus TGLA53</b>				<b>TGLA53</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	154	0,1683	154	0.1744
		158	0,2277	158	0.2674
		160	0,0099	160	0.0233
		162	0,2475	162	0.2326
		164	0,0941	164	0.0698
		166	0,0743	166	0.0814
		168	0,1089	168	0.1047
		176	0,0693	176	0.0465

## BRAHMAN

<b>Total análisis</b>				<b>Análisis con BM1818</b>	
<i>N</i>	<b>64</b>			<b>13</b>	
<b>Locus</b>	<b>BM1824</b>			<b>BM1824</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	178	0.0635	178	0.0769
		180	0.5000	180	0.5385
		182	0.3175	182	0.3462
		188	0.0238		
		192	0.0952	192	0.0385
<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>			<b>BM2113</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	127	0.0859	127	0.0769
		129	0.2734	129	0.3077
		131	0.0078		
		133	0.0078	133	0.0385
		135	0.0625	135	0.1154
		137	0.0078	137	0.0385
		139	0.1484	139	0.1538
		141	0.3828	141	0.2692
		143	0.0234		
<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>			<b>ETH10</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	209	0.3492	209	0.3846
		211	0.1905	211	0.0769
		213	0.3333	213	0.3846
		217	0.0079		
		219	0.0952	219	0.1154
		221	0.0238	221	0.0385
<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>			<b>ETH225</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	140	0.0156		
		142	0.0078		
		144	0.0313	144	0.0385
		148	0.0234	148	0.0385
		150	0.0078	150	0.0385
		154	0.0938	154	0.0769
		158	0.0156	158	0.0385
		160	0.8047	160	0.7692

<b>Locus</b>	<b>INRA023</b>			<b>INRA023</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	196	0.0234		
		198	0.0703	198	0.1154
		202	0.1250		
		204	0.0547	204	0.0769
		208	0.1406	208	0.1923
		210	0.0469	210	0.0385
		212	0.0156		
		214	0.3516	214	0.3846
		216	0.1719	216	0.1923
<b>Locus</b>	<b>SPS115</b>			<b>SPS115</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	246	0.2143	246	0.1538
		248	0.4206	248	0.4231
		250	0.1984	250	0.2692
		252	0.0079		
		254	0.0714	254	0.0385
		256	0.0317	256	0.0769
		258	0.0079	258	0.0385
		260	0.0476		
<b>Locus</b>	<b>TGLA122</b>			<b>TGLA122</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	137	0.1172	137	0.1538
		143	0.1719	143	0.0769
		145	0.0391		
		147	0.0078	147	0.0385
		149	0.1016	149	0.1154
		151	0.3125	151	0.1538
		153	0.1328	153	0.2308
		161	0.0234	161	0.0769
		167	0.0156	167	0.0769
		169	0.0781	169	0.0769
<b>Locus</b>	<b>TGLA126</b>			<b>TGLA126</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	115	0.2143	115	0.1154
		117	0.0952	117	0.1538
		119	0.0635	119	0.1154
		121	0.0397	121	0.0385
		123	0.3333	123	0.4231
		125	0.2540	125	0.1538
<b>Locus</b>	<b>TGLA227</b>			<b>TGLA227</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	77	0.6328	77	0.5385
		79	0.0625	79	0.0385
		81	0.1953	81	0.2308
		83	0.1016	83	0.1538
		87	0.0078	87	0.0385
<b>Locus</b>	<b>BM1818</b>			<b>BM1818</b>	
N	13				
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	260	0.1154	260	0.1154
		262	0.0769	262	0.0769
		264	0.2692	264	0.2692
		266	0.3462	266	0.3462
		268	0.1154	268	0.1154
		270	0.0769	270	0.0769

<b>Locus ETH3</b>				<b>ETH3</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
5	103	0.0593		103	0.1111
	109	0.0085			
	115	0.4407		115	0.5556
	117	0.4407		117	0.1667
	125	0.0508		125	0.1667
<b>Locus TGLA53</b>				<b>TGLA53</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
9	160	0.4561		160	0.2500
	162	0.1404		162	0.1667
	164	0.0175			
	168	0.2456		168	0.3333
	172	0.0263		172	0.0833
	180	0.0088		180	0.0833
	182	0.0789			
	184	0.0088		184	0.0833
	188	0.0175			

## JERSEY

<b>Total análisis</b>				<b>Análisis con BM1818</b>	
<i>N</i>				<i>N</i>	
425				170	
<b>Locus BM1824</b>				<b>BM1824</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
5	178	0.0300		178	0.0118
	180	0.6550		180	0.6588
	182	0.1286		182	0.1412
	188	0.0493		188	0.0471
	190	0.1370		190	0.1412
<b>Locus BM2113</b>				<b>BM2113</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
7	125	0.0035		125	0.0029
	127	0.0390		127	0.0294
	129	0.0532		129	0.0647
	131	0.0012		131	0.0029
	133	0.1631		133	0.1618
	135	0.6667		135	0.6824
	137	0.0733		137	0.0559
<b>Locus ETH10</b>				<b>ETH10</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
5	215	0.1946		215	0.1853
	217	0.4210		217	0.4029
	219	0.2146		219	0.2441
	221	0.1462		221	0.1529
	223	0.0236		223	0.0147
<b>Locus ETH225</b>				<b>ETH225</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>		<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
6	140	0.0877		140	0.0882
	144	0.3199		144	0.2853
	146	0.0036			
	148	0.2251		148	0.2206
	150	0.3626		150	0.4029
	152	0.0012		152	0.0029

<b>Locus INRA023</b>				<b>INRA023</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	12	198	0.3679	198	0.3735
		200	0.0330	200	0.0265
		202	0.0012	202	0.0029
		206	0.2677	206	0.2735
		208	0.1191	208	0.1088
		210	0.0059	210	0.0118
		212	0.0012	214	0.1265
		214	0.1085		
		216	0.0012		
		218	0.0920	218	0.0765
		220	0.0012		
		222	0.0012		
<b>Locus SPS115</b>				<b>SPS115</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	248	0.2344	248	0.2126
		250	0.0024		
		252	0.3923	252	0.4042
		254	0.1340	254	0.1377
		256	0.0048	256	0.0030
		258	0.0024	258	0.0060
		260	0.2285	260	0.2365
		262	0.0012		
<b>Locus TGLA122</b>				<b>TGLA122</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	143	0.4764	143	0.4588
		147	0.0012	147	0.0029
		149	0.0814	149	0.0824
		151	0.2064	151	0.2029
		157	0.0012	157	0.0029
		161	0.0979	161	0.1029
		169	0.1285	169	0.1441
		171	0.0012	171	0.0029
		177	0.0059		
<b>Locus TGLA126</b>				<b>TGLA126</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	4	115	0.2506	115	0.2500
		117	0.6773	117	0.6647
		121	0.0343	121	0.0471
		123	0.0378	123	0.0382
<b>Locus TGLA227</b>				<b>TGLA227</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	77	0.0757	77	0.0500
		81	0.3125	81	0.3382
		83	0.0072	83	0.0118
		85	0.0012		
		91	0.1767	91	0.2059
		93	0.3774	93	0.3500
		95	0.0180	95	0.0118
		97	0.0168	97	0.0176
		101	0.0132	101	0.0147
		103	0.0012		

<b>Locus BM1818</b>				<b>BM1818</b>	
N	46				
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	258	0.0294	258	0.0294
		260	0.1471	260	0.1471
		262	0.2265	262	0.2265
		264	0.0471	264	0.0471
		266	0.5294	266	0.5294
		268	0.0206	268	0.0206
<b>Locus ETH3</b>				<b>ETH3</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	115	0.0012		
		117	0.7435	117	0.7515
		119	0.0036	119	0.0030
		121	0.0653	121	0.0599
		123	0.0024	123	0.0030
		125	0.1841	125	0.1826
<b>Locus TGLA53</b>				<b>TGLA53</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	154	0.0065	154	0.0152
		160	0.2904	160	0.2896
		162	0.0677	162	0.0854
		168	0.2708	168	0.2774
		170	0.2943	170	0.2591
		172	0.0065	172	0.0122
		182	0.0560	182	0.0518
		184	0.0065	184	0.0061
		186	0.0013	186	0.0030

## LIMOUSIN

<b>Total análisis</b>				<b>Análisis con BM1818</b>	
N	206			98	
<b>Locus BM1824</b>				<b>BM1824</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	4	178	0.3107	178	0.3112
		180	0.2039	180	0.2194
		182	0.0097	182	0.0051
		188	0.4757	188	0.4643
<b>Locus BM2113</b>				<b>BM2113</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	125	0.0025	125	0.0051
		127	0.0718	127	0.0663
		131	0.2896	131	0.3214
		133	0.1856	133	0.2092
		135	0.2277	135	0.1837
		137	0.0520	137	0.0408
		139	0.1287	139	0.1276
		141	0.0025	141	0.0051
		143	0.0396	143	0.0408

<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>			<b>ETH10</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	213	0.0316	213	0.0408
		215	0.0777	215	0.0969
		217	0.2694	217	0.2449
		219	0.2403	219	0.2551
		221	0.2597	221	0.2449
		223	0.0850	223	0.0918
		225	0.0364	225	0.0255
<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>			<b>ETH225</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	140	0.4073	140	0.3520
		144	0.1171	144	0.1378
		146	0.0195	146	0.0255
		148	0.2341	148	0.2449
		150	0.2220	150	0.2398
<b>Locus</b>	<b>INRA023</b>			<b>INRA023</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	200	0.1887	200	0.1837
		202	0.0049	202	0.0051
		206	0.2451	206	0.2755
		208	0.3456	208	0.3265
		212	0.0417	212	0.0357
		214	0.1593	214	0.1684
		216	0.0074		
		218	0.0074	218	0.0051
<b>Locus</b>	<b>SPS115</b>			<b>SPS115</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	248	0.5073	248	0.4490
		252	0.0829	252	0.0969
		254	0.0341	254	0.0459
		256	0.0854	256	0.0918
		258	0.0024	258	0.0051
		260	0.2878	260	0.3112
<b>Locus</b>	<b>TGLA122</b>			<b>TGLA122</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	143	0.0995	143	0.0918
		147	0.0947	147	0.0969
		149	0.1189	149	0.1327
		151	0.3956	151	0.4541
		153	0.1699	153	0.1378
		159	0.0243	159	0.0204
		161	0.0485	161	0.0408
		173	0.0121	173	0.0051
		177	0.0097	177	0.0051
		179	0.0267	179	0.0153
<b>Locus</b>	<b>TGLA126</b>			<b>TGLA126</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	113	0.1293	113	0.0969
		115	0.4805	115	0.5204
		117	0.0561	117	0.0255
		121	0.0707	121	0.0918
		123	0.2122	123	0.2041
		125	0.0512	125	0.0612

<b>Locus</b>		<b>TGLA227</b>		<b>TGLA227</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	77	0.0237	77	0.0368
		81	0.2526	81	0.1947
		83	0.1763	83	0.1895
		85	0.0158	85	0.0158
		87	0.0132	87	0.0105
		89	0.3105	89	0.3158
		91	0.1289	91	0.1737
		93	0.0368	93	0.0368
		97	0.0395	97	0.0211
		101	0.0026	101	0.0053
<b>Locus</b>		<b>BM1818</b>		<b>BM1818</b>	
N	46				
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	258	0.0408	258	0.0408
		260	0.0204	260	0.0204
		262	0.1990	262	0.1990
		264	0.0714	264	0.0714
		266	0.5459	266	0.5459
		268	0.1173	268	0.1173
		270	0.0051	270	0.0051
<b>Locus</b>		<b>ETH3</b>		<b>ETH3</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	109	0.0250	109	0.0408
		115	0.0025		
		117	0.4800	117	0.4439
		119	0.1675	119	0.1684
		123	0.0125	123	0.0102
		125	0.0975	125	0.0765
		127	0.2050	127	0.2551
		131	0.0100	131	0.0051
<b>Locus</b>		<b>TGLA53</b>		<b>TGLA53</b>	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	11	154	0.0729	154	0.0773
		160	0.3342	160	0.3144
		162	0.0201	162	0.0206
		164	0.0829	164	0.0825
		166	0.1558	166	0.1649
		168	0.0704	168	0.0670
		170	0.0578	170	0.0567
		172	0.0427	172	0.0515
		174	0.0201	174	0.0155
		176	0.0955	176	0.0876
		178	0.0477	178	0.0619

## ANEXO 2

### Análisis sin genotipos de baja frecuencia.

En las razas Hereford, Holando, Aberdeen Angus y Aberdeen Angus puro controlado, se encontraron en algunos marcadores, alelos de muy baja frecuencia. Para ver como influían en los resultados estos alelos, se calcularon los diferentes indicadores, sin considerar los genotipos que contaban con los alelos con frecuencias menores a 0,001. Los resultados se presentan a continuación.

### Hereford

En la tabla A2.1 se presentan las frecuencias alélicas para los 12 marcadores del panel 1, en la raza Hereford, considerando el total de genotipos y genotipos sin alelos de baja frecuencia (menos a 0,001).

**Tabla A2.1** Frecuencias alélicas en raza Hereford, para los 12 marcadores del panel 1, considerando el total de genotipos, y sin genotipos con alelos de frecuencias menores a 0,001.

Análisis con el total de genotipos				Análisis sin genotipos con alelos de frecuencia menor a 0,001		
N	6990			N	6852	
<b>Locus</b>	<b>BM1824</b>			<b>BM1824</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	178	0,2176	5	178	0,2177
		180	0,0273		180	0,0276
		182	0,5116		182	0,5105
		188	0,2113		188	0,2121
		190	0,0322		190	0,0322
<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>			<b>BM2113</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	125	0,0876	8	125	0,0880
		127	0,0395		127	0,0389
		129	0,0005			
		131	0,0254		131	0,0257
		133	0,1386		133	0,1382
		135	0,1860		135	0,1866
		137	0,0282		137	0,0280
		139	0,3476		139	0,3476
		141	0,1463		141	0,1470
		143	0,0002			
<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>			<b>ETH10</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	209	0,0001	6		
		211	0,0001			
		213	0,0117		213	0,0114
		215	0,0719		215	0,0722
		217	0,2318		217	0,2319
		219	0,1884		219	0,1886
		221	0,4936		221	0,494
		223	0,0006			
		225	0,0019		225	0,0019

<i>Locus</i>		<b>ETH225</b>		<b>ETH225</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
7	140	0,2384	6	140	0,2389
	142	0,0001		144	0,0854
	144	0,0858		146	0,1219
	146	0,1218		148	0,4009
	148	0,4009		150	0,1514
	150	0,1514		152	0,0015
	152	0,0016			
<i>Locus</i>		<b>INRA023</b>		<b>INRA023</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
11	198	0,0001	5		
	200	0,0005		206	0,2158
	202	0,0002		208	0,1305
	204	0,0001		210	0,0026
	206	0,2156		212	0,0072
	208	0,1311		214	0,6439
	210	0,0026			
	212	0,0075			
	214	0,6421			
	216	0,0002			
	218	0,0001			
<i>Locus</i>		<b>SPS115</b>		<b>SPS115</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
10	246	0,0002	7		
	248	0,2712		248	0,2711
	250	0,0004		250	0,0001
	252	0,1731		252	0,1741
	254	0,0369		254	0,0365
	256	0,1645		256	0,1648
	258	0,0297		258	0,0296
	260	0,3237		260	0,3238
	261	0,0001			
	262	0,0004			
<i>Locus</i>		<b>TGLA122</b>		<b>TGLA122</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
18	137	0,0001	9		
	141	0,1181		141	0,1187
	143	0,4859		143	0,4873
	145	0,0001		147	0,0285
	147	0,0285		149	0,0109
	149	0,0113		151	0,0792
	151	0,0796			
	153	0,0006			
	155	0,0001			
	157	0,0006			
	159	0,0004			
	161	0,1890		161	0,1905
	163	0,0004			
	169	0,0226		169	0,0228
	173	0,0001			
	179	0,0013		179	0,0013
	181	0,0003			
	183	0,0611		183	0,0609

<b>Locus</b>		<b>TGLA126</b>			<b>TGLA126</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	7	113	0,0034	6	113	0,0034	
		115	0,3223		115	0,323	
		117	0,4601		117	0,4598	
		119	0,0169		119	0,017	
		121	0,1270		121	0,1267	
		123	0,0703		123	0,0702	
		125	0,0001				
<b>Locus</b>		<b>TGLA227</b>			<b>TGLA227</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	13	77	0,0002	9			
		79	0,0236		79	0,0234	
		81	0,0381		81	0,0383	
		83	0,0723		83	0,0721	
		85	0,0005				
		87	0,0372		87	0,0371	
		89	0,2228		89	0,223	
		91	0,3970		91	0,3989	
		93	0,1520		93	0,1518	
		95	0,0013		95	0,0013	
		97	0,0548		97	0,054	
		99	0,0001				
		103	0,0001				
<b>Locus</b>		<b>BM1818</b>			<b>BM1818</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
<i>N</i>		3699		3628			
	8	256	0,0003	6			
		258	0,0007				
		260	0,0441		260	0,0442	
		262	0,3158		262	0,3175	
		264	0,0126		264	0,0123	
		266	0,5742		266	0,5736	
		268	0,0181		268	0,0181	
		270	0,0343		270	0,0343	
<b>Locus</b>		<b>ETH3</b>			<b>ETH3</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
	10	103	0,0001	7			
		115	0,0017		115	0,0017	
		117	0,5476		117	0,5472	
		119	0,4367		119	0,4379	
		121	0,0048		121	0,0047	
		123	0,0001				
		125	0,0067		125	0,0061	
		127	0,0014		127	0,0014	
		129	0,0009		129	0,001	
		131	0,0001				

Locus	TGLA53			TGLA53		
	N° alelos	Alelo	Frecuencia	N° alelos	Alelo	Frecuencia
15	154		0,1028	9	154	0,1036
	158		0,0004		160	0,3219
	160		0,3224		162	0,3125
	162		0,3120		164	0,0211
	164		0,0211		168	0,0038
	168		0,0038		170	0,0267
	170		0,0264		172	0,1943
	172		0,1936		176	0,0099
	174		0,0006			
	176		0,0099			
	178		0,0004			
	180		0,0003			
	182		0,0001			
	186		0,0062	186		0,0062
	188		0,0001			

En la tabla A2.2 se detalla, número de alelos por locus, cantidad de individuos tipificados (n), heterocigosidad observada (Ho) y esperada (He) y contenido de información polimórfica (PIC) y probabilidades de exclusión combinadas (PEC1p, PEC2p y PECpp) para el panel 1, en la raza Hereford, sin considerar los genotipos con alelos con frecuencia menor a 0,001.

**Tabla A2.2** Resultados de número de alelos por locus, He, Ho y PIC para la raza Hereford sin considerar genotipos con alelos de baja frecuencia.

	N° alelos	n	Ho	He	PIC
BM1824	5	6852	0.633	0.645	0.592
BM2113	8	6808	0.790	0.793	0.767
ETH10	6	6820	0.659	0.661	0.610
ETH225	6	6853	0.727	0.737	0.698
INRA023	5	6841	0.513	0.522	0.467
SPS115	7	6764	0.750	0.762	0.723
TGLA122	9	6852	0.686	0.701	0.669
TGLA126	6	6835	0.669	0.663	0.605
TGLA227	9	6545	0.722	0.757	0.726
BM1818	6	3628	0.548	0.567	0.497
ETH3	7	6807	0.492	0.509	0.394
TGLA53	9	6641	0.702	0.749	0.708
PEC1p	0,98107644				
PEC2p	0,99919887				
PECpp	0,99999396				

## Holando

En la tabla A2.3 se presentan las frecuencias alélicas para los 12 marcadores del panel 1, en la raza Holando, considerando el total de genotipos y genotipos sin alelos de baja frecuencia (menos a 0,001).

**Tabla A2.3** Frecuencias alélicas en raza Holando, para los 12 marcadores del panel 1, considerando el total de genotipos, y sin genotipos con alelos de frecuencias menores a 0,001,.

Análisis con el total de genotipos			Análisis sin genotipos con alelos de frecuencia menor a 0,001		
N	2791		N	2713	
<b>Locus</b>	<b>BM1824</b>		<b>Locus</b>	<b>BM1824</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
6	178	0,2318	5	178	0,2317
	180	0,2168		180	0,2162
	182	0,1303		182	0,1301
	184	0,0002			
	188	0,3809		188	0,3813
	190	0,0400		190	0,0407
<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>		<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
11	121	0,0002	7		
	123	0,0004			
	125	0,2389		125	0,2403
	127	0,2100		127	0,2095
	129	0,0014		129	0,0015
	133	0,0105		133	0,0100
	135	0,3641		135	0,3650
	137	0,0953		137	0,0955
	139	0,0788		139	0,0782
	141	0,0002			
	143	0,0002			
<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>		<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
9	209	0,0333	8	209	0,0338
	211	0,0002			
	213	0,0566		213	0,0567
	215	0,0041		215	0,0039
	217	0,1876		217	0,1881
	219	0,5258		219	0,5251
	221	0,0233		221	0,0220
	223	0,0526		223	0,0530
	225	0,1164		225	0,1173
<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>		<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>	
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
9	140	0,1148	7	140	0,1153
	142	0,0085		142	0,0083
	144	0,0314		144	0,0316
	146	0,0282		146	0,0280
	148	0,3550		148	0,3560
	150	0,3852		150	0,3847
	152	0,0758		152	0,0761
	160	0,0007			
	162	0,0004			

<b>INRA023</b>			<b>INRA023</b>			
<i>Locus</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	10	198	0,0029	7	198	0,0029
		200	0,0121		200	0,0119
		202	0,1954		202	0,1954
		204	0,0004			
		206	0,2400		206	0,2407
		208	0,0282		208	0,0279
		210	0,2755		210	0,2753
		212	0,0004			
		214	0,2451		214	0,2460
		216	0,0002			
<b>SPS115</b>			<b>SPS115</b>			
<i>Locus</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	246	0,0005	7		
		248	0,6129		248	0,6134
		250	0,0018		250	0,0017
		252	0,1668		252	0,1663
		254	0,0634		254	0,0638
		256	0,1175		256	0,1182
		258	0,0116		258	0,0117
		260	0,0254		260	0,0250
<b>TGLA122</b>			<b>TGLA122</b>			
<i>Locus</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	18	139	0,0061	13	139	0,0059
		141	0,0014		141	0,0013
		143	0,3134		143	0,3131
		145	0,0002			
		147	0,0007			
		149	0,2198		149	0,2205
		151	0,0607		151	0,0609
		153	0,0151		153	0,0152
		155	0,0004			
		159	0,0023		159	0,0022
		161	0,0802		161	0,0803
		163	0,1368		163	0,1371
		167	0,0002			
		169	0,0002			
		171	0,0669		171	0,0668
		173	0,0198		173	0,0199
		181	0,0027		181	0,0027
		183	0,0731		183	0,0739
<b>TGLA126</b>			<b>TGLA126</b>			
<i>Locus</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	113	0,0007	5		
		115	0,3258		115	0,3259
		117	0,5243		117	0,5255
		119	0,0306		119	0,0306
		121	0,0738		121	0,0744
		123	0,0445		123	0,0436
		125	0,0004			

<b>Locus TGLA227</b>			<b>TGLA227</b>		
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
14	77	0,0002	10		
	79	0,0002			
	81	0,0551		81	0,0556
	83	0,1090		83	0,1086
	85	0,0006			
	87	0,0490		87	0,0492
	89	0,1820		89	0,1817
	91	0,1746		91	0,175
	93	0,0361		93	0,0361
	95	0,0022		95	0,0023
	97	0,2729		97	0,273
	99	0,0222		99	0,022
	101	0,0004			
103	0,0956	103	0,0966		
<b>Locus BM1818</b>			<b>BM1818</b>		
<i>N</i>	1149		1140		
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
7	258	0,0104	7	258	0,0105
	260	0,0030		260	0,0031
	262	0,4269		262	0,4263
	264	0,0596		264	0,0596
	266	0,4395		266	0,4404
	268	0,0400		268	0,0395
	270	0,0205		270	0,0206
<b>Locus ETH3</b>			<b>ETH3</b>		
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
9	115	0,0009	8		
	117	0,4288		117	0,4276
	119	0,0074		119	0,0074
	121	0,0048		121	0,0047
	123	0,0011		123	0,0011
	125	0,1193		125	0,1189
	127	0,1403		127	0,1411
	129	0,2941		129	0,296
	131	0,0032		131	0,0032
<b>Locus TGLA53</b>			<b>TGLA53</b>		
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
18	154	0,0319	14	154	0,0322
	156	0,0004			
	158	0,1234		158	0,124
	160	0,1767		160	0,1768
	162	0,2661		162	0,2668
	164	0,0035		164	0,0031
	166	0,0321		166	0,0314
	168	0,1001		168	0,1007
	170	0,0090		170	0,0092
	172	0,0090		172	0,0092
	174	0,0002			
	176	0,1338		176	0,135
	178	0,0012		178	0,0012
	180	0,0006			
	182	0,0014		182	0,001
	184	0,0208		184	0,0208
	186	0,0891		186	0,0886
	188	0,0008			

En la tabla A2.4 se detalla, número de alelos por locus, cantidad de individuos tipificados (n), heterocigosidad observada (Ho) y esperada (He), contenido de información polimórfica (PIC) y probabilidad de exclusión combinada (PEC1p PEC2p y PECpp), para los 12 marcadores del panel 1, en Holando, sin considerar los genotipos con alelos de baja frecuencia.

**Tabla A2.4** Resultados de número de alelos por locus, He, Ho y PIC para la raza Holando sin considerar genotipos con alelos de baja frecuencia.

	N° alelos	n	Ho	He	PIC
BM1824	5	2713	0.724	0.736	0.692
BM2113	7	2711	0.741	0.750	0.710
ETH10	8	2724	0.664	0.668	0.634
ETH225	7	2719	0.700	0.704	0.655
INRA023	7	2728	0.777	0.767	0.726
SPS115	7	2703	0.593	0.577	0.541
TGLA122	13	2732	0.814	0.814	0.791
TGLA126	5	2728	0.604	0.609	0.544
TGLA227	10	2634	0.814	0.834	0.814
BM1818	7	1140	0.619	0.619	0.544
ETH3	8	2644	0.706	0.696	0.644
TGLA53	14	2404	0.805	0.844	0.826
PEC1p	0,99322664				
PEC2p	0,99982625				
PECpp	0,99999955				

## Aberdeen Angus

En la tabla A2.5 se presentan las frecuencias alélicas para los 12 marcadores del panel 1, en la raza Aberdeen Angus, considerando el total de genotipos y genotipos sin alelos de baja frecuencia (menos a 0,001).

**Tabla A2.5** Frecuencias alélicas en raza Aberdeen Angus, para los 12 marcadores del panel 1, considerando el total de genotipos, y sin genotipos con alelos de frecuencias menores a 0,001,.

Análisis con el total de genotipos			Análisis sin genotipos con alelos de frecuencia menor a 0,001			
N 8371			N 8231			
Locus	BM1824		BM1824			
	N° alelos	Alelo	Frecuencia	N° alelos	Alelo	Frecuencia
	7	178	0,3935	4	178	0.3942
		180	0,1141		180	0.1138
		182	0,2404		182	0.2403
		184	0,0002			
		188	0,2513		188	0.2517
		190	0,0005			
		192	0,0001			

<b>Locus BM2113</b>			<b>BM2113</b>		
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
10	125	0,1564	7	125	0.1566
	127	0,0293		127	0.0292
	129	0,0002			
	131	0,0002			
	133	0,2292		133	0.2295
	135	0,2919		135	0.2920
	137	0,0557		137	0.0554
	139	0,1761		139	0.1762
	141	0,0607		141	0.0611
	143	0,0001			

  

<b>Locus ETH10</b>			<b>ETH10</b>		
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
8	211	0,0001	5		
	213	0,0007			
	215	0,0805		215	0.0806
	217	0,5216		217	0.5221
	219	0,1855		219	0.1864
	221	0,1944		221	0.1936
	223	0,0173		223	0.0173
	225	0,0001			

  

<b>Locus ETH225</b>			<b>ETH225</b>		
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
9	140	0,0492	5	140	0.0492
	142	0,0004			
	144	0,2150		144	0.2143
	146	0,1897		146	0.1904
	148	0,2691		148	0.2699
	150	0,2761		150	0.2762
	152	0,0001			
	154	0,0004			
	160	0,0001			

  

<b>Locus INRA023</b>			<b>INRA023</b>		
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
11	198	0,0011	9	198	0.0011
	200	0,0778		200	0.0778
	202	0,1464		202	0.1471
	204	0,0005			
	206	0,4625		206	0.4621
	208	0,2176		208	0.2180
	210	0,0022		210	0.0021
	212	0,0025		212	0.0024
	214	0,0867		214	0.0867
	216	0,0027		216	0.0027
	218	0,0001			

  

<b>Locus SPS115</b>			<b>SPS115</b>		
<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
11	240	0,0054	8	240	0.0055
	244	0,0001			
	246	0,0003			
	248	0,5173		248	0.5184
	250	0,0013		250	0.0012
	252	0,0548		252	0.0546
	254	0,2549		254	0.2550
	256	0,0136		256	0.0135
	258	0,0019		258	0.0019
	260	0,1500		260	0.1500
	262	0,0001			

<i>Locus</i>		<b>TGLA122</b>			<b>TGLA122</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
18		141	0,0059	10	141	0.0058	
		143	0,1863		143	0.1869	
		147	0,0011		147	0.0011	
		149	0,0010		149	0.0010	
		151	0,6155		151	0.6150	
		153	0,0041		153	0.0042	
		155	0,0612		155	0.0616	
		157	0,0234		157	0.0233	
		161	0,0949		161	0.0951	
		163	0,0001				
		165	0,0001				
		169	0,0001				
		171	0,0002				
		173	0,0001				
		175	0,0001				
		179	0,0001				
		181	0,0001				
		183	0,0059		183	0.0060	
<i>Locus</i>		<b>TGLA126</b>			<b>TGLA126</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
9		109	0,0001	6			
		113	0,0849		113	0.0848	
		115	0,3939		115	0.3938	
		117	0,3763		117	0.3778	
		119	0,0010		119	0.0009	
		121	0,0094		121	0.0090	
		123	0,1335		123	0.1337	
		125	0,0008				
		127	0,0002				
<i>Locus</i>		<b>TGLA227</b>			<b>TGLA227</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
12		77	0,0002	8			
		79	0,0001				
		81	0,1461		81	0.1457	
		83	0,0139		83	0.0140	
		87	0,1475		87	0.1480	
		89	0,2586		89	0.2586	
		91	0,0624		91	0.0621	
		93	0,1201		93	0.1205	
		95	0,0019		95	0.0019	
		97	0,2485		97	0.2492	
		101	0,0001				
		103	0,0005				
<i>Locus</i>		<b>BM1818</b>			<b>BM1818</b>		
<i>N</i>							
4124				4065			
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
10		250	0,0002	7			
		256	0,0001				
		258	0,0377		258	0.0380	
		260	0,0021		260	0.0021	
		262	0,2741		262	0.2752	
		264	0,0906		264	0.0910	
		266	0,4071		266	0.4060	
		268	0,0338		268	0.0337	
		270	0,1540		270	0.1540	
		272	0,0002				

<i>Locus</i>		<b>ETH3</b>			<b>ETH3</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
10		103	0,0001	7			
		109	0,0003				
		115	0,0014		115	0.0014	
		117	0,4854		117	0.4867	
		119	0,0601		119	0.0600	
		121	0,2394		121	0.2387	
		123	0,0051		123	0.0050	
		125	0,1435		125	0.1438	
		127	0,0646		127	0.0644	
		129	0,0001				
<i>Locus</i>		<b>TGLA53</b>			<b>TGLA53</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	
16		154	0,0146	12	154	0.0146	
		158	0,0158		158	0.0159	
		160	0,4602		160	0.4616	
		162	0,0331		162	0.0323	
		164	0,0353		164	0.0348	
		166	0,0009				
		168	0,1301		168	0.1303	
		170	0,1287		170	0.1289	
		172	0,0021		172	0.0022	
		174	0,0062		174	0.0061	
		176	0,1624		176	0.1634	
		178	0,0020		178	0.0020	
		180	0,0002				
		182	0,0081		182	0.0080	
		184	0,0001				
		186	0,0001				

En la tabla A2.6 se detalla, número de alelos por locus, cantidad de individuos tipificados (n), heterocigosidad observada (Ho) y esperada (He), contenido de información polimórfica (PIC), y probabilidad de exclusión combinada (PEC1pPEC2p y PECpp), para los 12 marcadores del panel 1, en la raza Aberdeen Angus, sin considerar los genotipos con alelos de baja frecuencia.

**Tabla A2.6** Resultados de número de alelos por locus, He, Ho y PIC para la raza Aberdeen Angus sin considerar genotipos con alelos de baja frecuencia.

	N° alelos	n	Ho	He	PIC
BM1824	4	8231	0.705	0.711	0.658
BM2113	7	8157	0.778	0.799	0.770
ETH10	5	8185	0.651	0.648	0.602
ETH225	5	8232	0.746	0.766	0.726
INRA023	9	8205	0.695	0.704	0.664
SPS115	8	8141	0.632	0.641	0.588
TGLA122	10	8224	0.566	0.573	0.536
TGLA126	6	8203	0.677	0.677	0.618
TGLA227	8	7965	0.789	0.809	0.782
BM1818	7	4065	0.712	0.725	0.683
ETH3	7	7836	0.678	0.678	0.634
TGLA53	12	7599	0.710	0.724	0.694
PEC1p	0,98797910				
PEC2p	0,99964409				
PECpp	0,99999844				

### ***Aberdeen Angus puro controlado***

En la tabla A2.7 se presentan las frecuencias alélicas para los 12 marcadores del panel 1, en la raza Aberdeen Angus puro controlado, considerando el total de genotipos y genotipos sin alelos de baja frecuencia (menos a 0,001).

**Tabla A2.7** Frecuencias alélicas en raza Aberdeen Angus puro controlado, para los 12 marcadores del panel 1, considerando el total de genotipos, y sin genotipos con alelos de frecuencias menores a 0,001,.

Total análisis				Análisis sin bajas frecuencias		
<i>N</i>	758			<i>N</i>	758	
<b>Locus</b>	<b>BM1824</b>			<b>BM1824</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	5	178	0,3555	5	178	0,3555
		180	0,1471		180	0,1471
		182	0,2493		182	0,2493
		188	0,2447		188	0,2447
		190	0,0033		190	0,0033
<b>Locus</b>	<b>BM2113</b>			<b>BM2113</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	121	0,0007	8		
		125	0,1792		125	0,1795
		127	0,0384		127	0,0384
		131	0,0013		131	0,0013
		133	0,1812		133	0,1815
		135	0,3472		135	0,3470
		137	0,0688		137	0,0689

		139	0,1462		139	0,1464
		141	0,0370		141	0,0371
<b>Locus</b>	<b>ETH10</b>			<b>ETH10</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	211	0,0013	8	211	0,0013
		213	0,0033		213	0,0033
		215	0,0747		215	0,0747
		217	0,4974		217	0,4974
		219	0,1845		219	0,1845
		221	0,2302		221	0,2302
		223	0,0073		223	0,0073
		225	0,0013		225	0,0013
<b>Locus</b>	<b>ETH225</b>			<b>ETH225</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	140	0,0661	7	140	0,0661
		144	0,2114		144	0,2114
		146	0,1539		146	0,1539
		148	0,2939		148	0,2939
		150	0,2715		150	0,2715
		152	0,0013		152	0,0013
		160	0,0020		160	0,0020
<b>Locus</b>	<b>INRA23</b>			<b>INRA023</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	8	200	0,0646	8	200	0,0646
		202	0,1154		202	0,1154
		206	0,4241		206	0,4241
		208	0,2421		208	0,2421
		210	0,0119		210	0,0119
		212	0,0026		212	0,0026
		214	0,1339		214	0,1339
		216	0,0053		216	0,0053
<b>Locus</b>	<b>SPS115</b>			<b>SPS115</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	240	0,0080	9	240	0,0080
		248	0,4608		248	0,4608
		250	0,0027		250	0,0027
		252	0,0578		252	0,0578
		254	0,2855		254	0,2859
		256	0,0259		256	0,0259
		258	0,0033		258	0,0033
		260	0,1554		260	0,1556
		262	0,0007			

<b>Locus</b>	<b>TGLA122</b>			<b>TGLA122</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	14	141	0,0092	12	141	0,0093
		143	0,1689		143	0,1693
		145	0,0007			
		147	0,0020		147	0,0020
		149	0,0059		149	0,0060
		151	0,6273		151	0,6276
		153	0,0046		153	0,0046
		155	0,0330		155	0,0331
		157	0,0165		157	0,0165
		161	0,1141		161	0,1144
		163	0,0013		163	0,0013
		169	0,0013		169	0,0013
		171	0,0007			
		183	0,0145		183	0,0146
<b>Locus</b>	<b>TGLA126</b>			<b>TGLA126</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	6	113	0,1148	6	113	0,1149
		115	0,3582		115	0,3587
		117	0,3529		117	0,3527
		119	0,0053		119	0,0053
		121	0,0257		121	0,0258
		123	0,1431		123	0,1427
<b>Locus</b>	<b>TGLA227</b>			<b>TGLA227</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	11	77	0,0034	11	77	0,0034
		79	0,0014		79	0,0014
		81	0,1791		81	0,1791
		83	0,0216		83	0,0216
		87	0,1453		87	0,1453
		89	0,2824		89	0,2824
		91	0,0426		91	0,0426
		93	0,1189		93	0,1189
		95	0,0020		95	0,0020
		97	0,2014		97	0,2014
		103	0,0020		103	0,0020

<b>Locus BM1818</b>				<b>BM1818</b>		
<i>N</i>	349			<i>N</i>	349	
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	7	258	0,0272	7	258	0,0272
		262	0,2650		262	0,2650
		264	0,1289		264	0,1289
		266	0,3983		266	0,3983
		268	0,0430		268	0,0430
		270	0,1361		270	0,1361
		272	0,0014		272	0,0014
<b>Locus ETH3</b>				<b>ETH3</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	9	103	0,0007	8		
		109	0,0020		109	0,0020
		115	0,0020		115	0,0020
		117	0,4479		117	0,4485
		119	0,0937		119	0,0931
		121	0,2434		121	0,2437
		123	0,0125		123	0,0125
		125	0,1451		125	0,1453
		127	0,0528		127	0,0528
<b>Locus TGLA53</b>				<b>TGLA53</b>		
	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>	<i>N° alelos</i>	<i>Alelo</i>	<i>Frecuencia</i>
	14	154	0,0295	13	154	0,0296
		158	0,0262		158	0,0262
		160	0,4785		160	0,4792
		162	0,0383		162	0,0383
		164	0,0436		164	0,0437
		166	0,0007			
		168	0,0987		168	0,0988
		170	0,0953		170	0,0954
		172	0,0154		172	0,0155
		174	0,0114		174	0,0108
		176	0,1570		176	0,1573
		178	0,0013		178	0,0013
		182	0,0020		182	0,002
		186	0,0020		186	0,002

En la tabla A2.8 se detalla, número de alelos por locus, cantidad de individuos tipificados (n), heterocigosidad observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ), contenido de información polimórfica (PIC), y probabilidad de exclusión combinada (PEC1p,

PEC2p y PECpp) para los 12 marcadores del panel 1, en la raza Aberdeen Angus Puro controlando, sin considerar genotipos con alelos de baja frecuencia.

**Tabla A2.8** Resultados de número de alelos por locus, He, Ho y PIC para la raza Aberdeen Angus puro controlado, sin considerar genotipos con alelos de baja frecuencia.

	N° alelos	n	Ho	He	PIC
BM1824	5	758	0.766	0.730	0.681
BM2113	8	755	0.743	0.786	0.756
ETH10	8	756	0.655	0.660	0.610
ETH225	7	757	0.774	0.768	0.728
INRA023	8	758	0.691	0.726	0.687
SPS115	8	752	0.646	0.678	0.626
TGLA122	12	756	0.557	0.563	0.527
TGLA126	6	757	0.724	0.713	0.663
TGLA227	11	740	0.778	0.811	0.784
BM1818	7	349	0.728	0.734	0.693
ETH3	8	757	0.682	0.707	0.665
TGLA53	13	744	0.707	0.722	0.697
PEC1p	0,99756429				
PEC2p	0,99997873				
PECpp	0,99999999				