

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DEL BÚFALO COLOMBIANO

P. A. Ángel Marín^{**}, A. E. Montoya A.^{****}, E. Martínez^{**}, H. Cardona Cadavid^{****}, M. Moreno Ochoa^{****} y M. F. Cerón-Muñoz^{****}. 2010. *Livestock Research for Rural Development* 22(7).

^{*} Ciencias Animales, Universidad de Antioquia

^{**} Grupo de Genética, Mejoramiento y Modelación Animal GaMMA, Facultad de Ciencias Agrarias e Instituto de Biología de la Universidad de Antioquia

^{***} Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia

^{****} Instituto de Biología, Facultad de Ciencias Exactas y

Naturales, Universidad de Antioquia

paulandreangelmarin@gmail.com

www.produccion-animal.com.ar

Volver a: [Producción de búfalos](#)

RESUMEN

En Colombia existe una población bufalina aproximada de 100.000 cabezas, compuesta principalmente por búfalo mestizo de origen trinitario, producto del cruce de las razas Murrah, Surti, Nili-Ravi, Mehsana y Jaffarabadi. Éste grupo genético tiene características propias de adaptación a las condiciones agrotropicales de Colombia y cada vez aumenta más su población debido a las ventajas sobre las otras razas o grupos genéticos por su adaptación, rusticidad y capacidad productiva. El presente estudio se realizó con el objetivo de caracterizar y estimar la variabilidad genética de la población de “búfalo colombiano” mediante 10 marcadores microsatélites heterólogos. Se analizó un total de 156 animales pertenecientes a dos hatos colombianos.

Se observó un número medio de alelos por locus polimórfico entre 6.88 y 4.88. Se encontraron dos microsatélites monomórficos (MGTG7 y ETH225) y los más polimórficos fueron el BM1824 y CSSM38, mientras que el menos polimórfico fue el SPS115. Se encontró estructura genética moderada ($F_{ST}=0.05\pm 0.02$) y los microsatélites TGLA227 y CSSM38 fueron los que más influenciaron en dicha diferenciación. Los valores de F_{IT} y F_{IS} fueron de 0.12 ± 0.06 y 0.07 ± 0.05 , respectivamente, reflejando el apareamiento selectivo llevado a cabo en cada una de las poblaciones.

Estos valores son indicativos de la amplia variabilidad que se puede encontrar en la población de “búfalo colombiano”, la cual puede ser explicada por la mezcla genética que la formó.

Palabras claves: búfalo colombiano, microsatélites, variabilidad genética.

INTRODUCCIÓN

El búfalo de agua (*Bubalus bubalis*) es originario de Asia, desde donde fue llevado a África, Europa, Oceanía y finalmente a Suramérica (Gurung y Singh 1996). Esta especie fue introducida a Colombia en la década de 1960 cuando el INCORA realizó la importación de los primeros animales desde Trinidad y Tobago, pertenecientes a la raza Bufalypso o Trinitaria (Sanint 2006; Rastogui and Rastogui 2004), la cual es producto del cruzamiento de las razas Murrah, Jaffarabadi, Nili-Ravi, Surti, y Mehsana en un núcleo cerrado por un período de 40 años (Rastogui and Rastogui 2004).

Actualmente se estima que en Colombia existe una población bufalina aproximada de 100.000 cabezas con un crecimiento anual cercano al 10%, cifra superior al 3% del crecimiento de la ganadería vacuna y su mayor porcentaje está representado por el búfalo mestizo de origen trinitario (Bufalypso, figura 1) cruzado con otras razas, el cual se caracteriza por ser buen productor de leche, presentar alto contenido de sólidos en leche, ser altamente rústicos y de gran adaptación a diferentes condiciones agrotropicales típicas de nuestro país (Sanint 2006).



Figura 1. Grupo de búfalas colombianas

El estudio de la diversidad genética en poblaciones de animales domésticos (vacunos, búfalos, cabras, entre otros) tiene gran relevancia desde el punto de vista de la conservación de razas que se encuentran en peligro de extinción, desde el mantenimiento de especies que genéticamente puedan resistir a cambios del medio ambiente o a las amenazas de enfermedades emergentes, que respondan a las necesidades nutricionales de la población humana o las condiciones de mercadeo y sociales (FAO 2007).

La biología molecular unida a las diferentes herramientas estadísticas, han permitido identificar y utilizar esta variación genómica en programas de mejoramiento genético y productivo de los hatos ganaderos. Los microsatélites han permitido la identificación de cada alelo por locus y la obtención de datos poblacionales a través del cálculo de las frecuencias alélicas y genotípicas, análisis filogenéticos y estructura de las poblaciones (Bowcock et al 1994; Ponsuksili et al 1999).

En la actualidad se dispone de un panel de marcadores microsatélites (Short Tandem Repets, STR), que siendo utilizados en vacunos han sido aplicados a diferentes poblaciones bufalinas mostrando algunos un gran polimorfismo, permitiendo la caracterización genética de esta especie en otros países tales como Italia, India, Brasil, y en Colombia de la raza Murrah (Navani et al 2002; Moiola et al 2001a; 2001b; Albuquerque et al 2006, Vijn et al 2008; Martínez et al 2009).

Este estudio tuvo como objetivo caracterizar molecularmente la población de “búfalo colombiano” y estimar su variabilidad genética por medio de 10 microsatélites heterólogos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Muestra poblacional

Se muestrearon 156 animales pertenecientes a la especie *Bubalus bubalis* del grupo genético Bufalypso (Búfalo Colombiano), de los cuales 55 pertenecían al hato Gibraltar (figura 2a), ubicado en el municipio de Chinchiná-Caldas a 1378 msnm, 5°00' latitud norte y 75°36' longitud oeste y 101 al Fondo Bufalero del Centro (figura 2b), ubicado en el municipio de Puerto Nare-Antioquia a 125 msnm, 6°11'30'' latitud norte y 74°35'12'' longitud oeste.



Figura 2a. Búfalos Hacienda Gibraltar.



Figura 2b. Búfalos Fondo Bufalero del Centro

Se tomaron muestras de pelo de la cola con bulbo piloso, se realizó la selección de cada una de las muestras (aproximadamente 14 pelos) en viales de 1.5 ml con el fin de llevar a cabo la primera etapa de la extracción de DNA, la cual consiste en lisar el pelo y bulbo piloso utilizando buffer de lisis y proteinasa k, incubadas por 12 horas a 56°C. Posteriormente se obtuvo y limpió el DNA obtenido con los buffer provistos por el kit de extracción DNeasy Blood and Tissue (Qiagen®)

Se analizaron 10 microsatélites incluidos en la lista de la ISAG/FAO 2004 para estudios poblacionales en bovinos, ovinos y caprinos, utilizando la técnica de PCR (Mullis y Faloona 1987). La ubicación cromosómica, tipo de repetición y secuencia de los primer se presentan en la Tabla 1.

Tabla 1. Marcadores microsatélites heterólogos y rango alélico en búfalos, secuencia primers, repetición (Rp), temperatura de annealing (Ta) y cromosoma (Cr)						
Nombre	Rango alélico búfalos	Secuencia Primers 5' - 3' (FW – RW)	Rp.	Ta°C	Cr	Referencia
TGLA227	70 – 82*	FW: CGA ATT CCA AAT CTG TTA ATT TGC T	CA	58	18	Steigleder et al 2004
		RW: ACA GAC AGA AAC TCA ATG AAA GCA				
INRA037	111-131*	FW: GAT CCT GCT TAT ATT TAA CCA C	GT	56	10	Vaiman et al 1994; Bessa et al 2009
		RW: AAA ATT CCA TGG AGA GAG AAA C				
BM2113	124- 134*	FW: GCT GCC TTC TAC CAA ATA CCC	CA	55	2	Bishop et al 1994
		RW: CTT CCT GAG AGA AGC AAC ACC				
ETH225	129	FW: GAT CAC CTT GCC ACT ATT TCC T	CA	63	9	Navani et al 2002, Ritz et al 2000
		RW: ACA TGA CAG CCA GCT GCT ACT				
BM1824	164 – 190	FW: GAG CAA GGT GTT TTT CCA ATC	GT	56	1	Navani et al 2002, Ritz et al 2000
		RW: CAT TCT CCA ACT GCT TCC TTG				
SPS115	248 – 264	FW: AAA GTG ACA CAA CAG CTT CTC CAG	CA	63	15	Moore y Byrne 1993
		RW: AAC GCG TGT CCT AGT TTG GCT GTG				
MGTG7	288*	FW: TTC ATT GCA GCA CTA TTT ACA ATA G	GT	55	23	Xuebin et al 2005
		RW: TAA GTT CCC TGT ATC ATT TTT TGA A				
CSSM38	156- 180*	FW: TTC ATA TAA GCA GTT TAT AAA CGC	CA	55	10	Moore et al 1995
		RW: ATA GGA TCT GGT AAC TTA CAG ATG				
CSSM36	156-172*	FW: GGA TAA CTC AAC CAC ACG TCT CTG	GT	63	27	Moore et al 1995
		RW: AAG AAG TAC TGG TTG CCA ATC GTG				
BM1258	98 – 122*	FW: GTA TGT ATT TTT CCC ACC CTG C	TG	55	23	Bishop et al 1994
		RW: GAG TCA GAC ATG ACT GAG CCT G				
* Resultados encontrados en éste estudio						

Las reacciones de PCR se llevaron a cabo en un volumen final de 15 µl que contenían 50 ng/µl de ADN genómico, 1X de buffer de reacción (10mM Tris-HCL pH 9.0; 50mM KCl; 0.1 % Triton® X-100), 2 mM de MgCl₂, 0.2 mM de cada dNTP, 0.23µM de cada primer (forward y reverse) y 0,5 unidades de Taq-polimerasa (Fermentas®). La amplificación se efectuó en un termociclador C1000™ (BioRad®).

Los microsatélites fueron agrupados en sistemas multiplex teniendo en cuenta los tamaños de amplificado y temperaturas de hibridación similares que variaron entre 55 y 63°C. El perfil térmico para los diferentes sistemas fue un primer ciclo de 5 minutos a 94°C, seguido de 30 ciclos de desnaturalización a 94°C por 30 segundos, hibridación a 55 – 63°C por 45 segundos y extensión a 72°C por 45 segundos, seguido de una extensión final de 10 minutos a 72°C (Tabla 1).

La genotipificación fue llevada a cabo en geles desnaturalizantes de poliacrilamida al 6% (19:1 Acrilamida:Bisacrilamida) en una cámara de electroforesis Dual Dedicate Height Nucleic Acid Sequencer (C.B.S Scientific co), bajo condiciones constantes a 2000 v, 40 mA, 60 w, utilizando buffer de corrida TBE 1X, y teñidos con nitrato de plata por el método de oxidación con ácido nítrico según Budowle et al 1991. La asignación alélica para los diferentes STRs se basó en el número de repeticiones variables y por comparación con las escaleras alélicas comerciales GeneRuler™ de 50-1000 bp DNA y GeneRuler™ Ultra Low Range de 25 a 700 pb DNA de Fermentas®. Resultados confirmados por secuenciación de algunos genotipos para los diferentes marcadores, proceso llevado a cabo por la empresa MACROGEN®, USA.

ANÁLISIS ESTADÍSTICO

Las frecuencias alélicas y genotípicas y el número medio de alelos por locus para cada marcador fue calculado por medio de los programas TFPGA (Tools for Population Genetic Analyses) versión 1.3 (Miller 1997) y GDA (Genetic Data Analysis) de Lewis y Zaykin (2001). Se determinó el contenido de información polimórfica (PIC) para cada uno de los marcadores (Botstein et al 1980).

Los valores de heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_e) para cada locus y la prueba de desviación de equilibrio de Hardy-Weinberg (HWE) de las frecuencias genotípicas, se llevó a cabo utilizando la prueba de

Haldane (1954) por medio del programa TFGA (Wigginton et al 2005).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Para el total de los 10 microsatélites analizados, ocho fueron polimórficos. En las dos poblaciones (Fondo Bufalero del Centro y Gibraltar), el número medio de alelos por locus polimórfico fue de 6.88 y 4.88, respectivamente. Los valores de heterocigosidad esperada para la población del Fondo Bufalero del Centro fueron más altos ($H_e=0.54$) con respecto a los valores de heterocigosidad observada ($H_o=0.49$), encontrándose esta población en desviación del equilibrio de Hardy-Weinberg, explicado por mantener un núcleo cerrado sin flujo genético que pueda renovar la variabilidad genética en esta población, mientras que en la población de Gibraltar, se encontraron valores de H_e y H_o de 0.48 y 0.48, respectivamente, los cuales no fueron estadísticamente diferentes ($P<0.001$).

Los microsatélites más polimórficos fueron el BM1824 y CSSM38, los cuales presentaron 11 y 8 alelos, respectivamente. Estos resultados fueron diferentes al estudio realizado por Navani et al (2002) en animales de las razas Murrah, Nili-Ravi y Mehsana, en el cual se encontraron 3 alelos para el marcador BM1824. Por otro lado, Aminafshar et al (2008) utilizaron el microsatélite CSSM38 en un estudio de diversidad genética para una población de búfalo en Guilan (Iran) para el cual también se observaron únicamente 4 alelos. Estos resultados comparados con los encontrados en el presente estudio indican la amplia diversidad genética encontrada en el búfalo colombiano, lo cual es de esperarse, dado la mezcla genética de este grupo racial.

El marcador menos polimórfico fue el SPS115, el cual presentó 4 alelos. Martínez et al. (2009) encontraron que el marcador SPS115 fue altamente polimórfico en el cual se identificaron 9 alelos en hatos colombianos de búfalos Murrah de origen Brasileño, esto muestra una leve tendencia a la fijación de unos pocos alelos en estas poblaciones, a pesar de que teóricamente se esperaba una mayor variabilidad genética, por la presencia de diferentes componentes raciales.

Los marcadores ETH225 y MGTG7 fueron monomórficos (alelo de 129 y 288 pares de bases, respectivamente). Este resultado fue similar a lo encontrado por Martínez et al (2009) en el cual se encontró un único alelo de 129 pb. Por el contrario, Navani et al (2002) encontró para este marcador en animales de la raza Murrah, Nili-Ravi y Mehsana en la India, un único alelo de 140 pb.

Aunque los sistemas de producción y de apareamiento son diferentes en las dos ganaderías, la diferencia en la estructura genética fue notable ($F_{ST}=0.05\pm 0.02$, o diferencia del 5%). El Fondo Bufalero del Centro maneja aproximadamente 4000 vientres y se caracteriza por escoger los machos reproductores por la producción de su madre pero no realiza control de paternidad, lo cual puede generar cierta endogamia en determinados cruces, mientras que la hacienda Gibraltar posee pocos vientres (aproximadamente 100 hembras) y usa pocos machos para reproducción, sin embargo, ocasionalmente comparten reproductores con otras haciendas con el fin de evitar un alto coeficiente de endogamia (Tabla 2).

Tabla 2. Valores de estructura genética y endogamia por locus para búfalos colombianos			
LOCUS	FIS	FIT	FST
SPS115	-0.11	-0.11	0.002
CSSM36	0.14	0.15	0.011
CSSM38	-0.06	-0.07	-0.005
BM2113	-0.13	-0.10	0.03
BM1824	0.24	0.31	0.09
INRA37	0.04	0.09	0.05
BM1258	0.08	0.09	0.002
TGLA227	0.16	0.29	0.15
ETH225	***	***	***
MGTG7	***	***	***
Total	0.07±0.05	0.12±0.06	0.05±0.02
F_{IS} : Coeficiente de endogamia para un individuo con respecto a la subpoblación F_{IT} : Coeficiente de endogamia para un individuo con respecto al total de la población F_{ST} : Coeficiente de endogamia de la subpoblación con respecto al total de la población			

Para el total de la población, se encontraron valores de F_{IT} y F_{IS} de 0.12 ± 0.06 y 0.07 ± 0.05 , respectivamente. Estos valores reflejan el apareamiento dirigido para ambas poblaciones entre individuos emparentados.

El marcador que presentó mayor valor de estructura poblacional fue el TGLA227 ($F_{ST}=0.15$), indicando que

las frecuencias alélicas de este marcador son diferentes entre las dos subpoblaciones (Tabla 2). Por otra parte, el marcador CSSM38 presentó 8 alelos, pero se encontró que el alelo de 156 pb tuvo una frecuencia de 0.77 (Fondo Bufalero del Centro) y 0.80 (Gibraltar), indicando que este alelo tiende a estar presente en la población, corroborando esto con los valores de $F_{IT}=-0.07$ y $F_{IS}=-0.06$ para este alelo, los cuales explican el exceso de heterocigotos que hay a nivel de las subpoblaciones y en el total de la población. Estos resultados indican que para este marcador las poblaciones no presentan estructura genética entre ellas ($F_{ST}=-0.005$).

Estos datos nos permiten concluir que aunque la raza de búfalo colombiano se formó a partir del cruzamiento de varias razas foráneas, ya se encuentra bien estructurada y con algunas características especiales que permiten diferenciarla de sus razas precedentes. Además, aunque es una raza con una alta variabilidad genética sería bueno que se tomaran medidas para prevenir el aumento de la homocigosidad, realizando pruebas de paternidad en los toros a ser utilizados, intercambiando reproductores entre los diferentes hatos de producción de búfalo colombiano y aumentando su número en población con el objeto de realizar posteriormente una selección más rigurosa sin tener implicaciones en la pérdida de variabilidad genética.

AGRADECIMIENTOS

Este artículo está derivado de la investigación “Consolidación del sistema de registro genealógico y control lechero en búfalos y su impacto en la producción y mejoramiento de los rebaños colombianos”. Proyecto financiado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, el Fondo Nacional del Ganado, la Asociación Colombiana de Criadores de Búfalos y la Universidad de Antioquia.

Los autores agradecen al Fondo Bufalero del Centro y la Bufalera Gibraltar por permitirnos realizar este estudio en sus hatos y a los estudiantes de pasantía investigativa Verónica Lopera, Jhon Jairo Flórez, María Isabel González de la Universidad de Antioquia, por su colaboración.

REFERENCIAS

- Albuquerque M M S, do Egito A A, Marques F J R, Ciampi Y A, Mariante-da Silva A, Castro R S T, Costa M R, Paiva R S, da Silva M A e Contel B E P 2006 Variabilidade genética em búfalos estimada por marcadores RAPD. Pesquisa Agropecuária Brasileira. 41 (4) :623-628. www.scielo.br/pdf/pab/v41n4/29808.pdf
- Aminafshar M, Amirinia C, and Vaez Torshizi R 2008 Genetic Diversity in Buffalo Population of Guilan Using Microsatellite Markers. Journal of Animal and Veterinary Advances 7(11): 1499-1502 <http://docsdrive.com/pdfs/medwelljournals/javaa/2008/1499-1502.pdf>
- Bessa I, Pinheiro I, Matola M, Dzama K, Rocha A and Alexandrino P 2009 Genetic diversity and relationships among indigenous Mozambican cattle breeds. South African Journal of Animal Science 39 (1). <http://www.sasas.co.za/sites/sasas.co.za/files/bessa39issue1.pdf>
- Bishop M D, Kappes S M, Keele J W, Stone R T, Sunden S L F, Hawkins G A, Solinas-Toldo S, Fries R, Grosz M D, Yoo J and Beattie C W 1994 A Genetic Linkage Map for Cattle. Genetics Society of America. Genetics 136: 619-639 <http://www.genetics.org/cgi/reprint/136/2/619>
- Botstein D and White R L 1980 Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. American Journal of Human Genetics 32 (2): 314-331.
- Bowcock A M, Ruiz-Linares A, Tomfohrde J, Minc E, Kidd J R and Cavalli-Sforza L L 1994 High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. Nature. 368: 455-457.
- Budowle B, Chakraborty R, Giusti A M, Eisenberg A J and Allen R C 1991 Analysis of the VNTR locus D1S80 by the PCR followed by high-resolution PAGE. American Journal of Human Genetics 48(1): 137-144. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1682756/pdf/ajhg00085-0141.pdf>
- FAO 2007 The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by Barbara Rischkowsky and Dafydd Pilling. Rome.
- Gurung K K and Singh R 1996 Field Guide to the Mammals of the Indian Subcontinent. London: Academic Press Limited.
- Haldane J B S 1954 An exact test for randomness of mating. Journal of Genetics 52: 631 – 635.
- ISAG/FAO 2004 Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite Markers New Microsatellite marker sets – Recommendations of joint ISAG/FAO Standing Committee. <http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/es/lead/toolbox/Indust/LossAgEA.htm>
- Lewis P O y Zaykin D 2001 GDA (Genetic Data Analysis): Computer program for the analysis of allelic data. Version 1.0 (d16c) from <http://lewis.eeb.uconn.edu/lewishome/software.html>, <http://en.bio-soft.net/dna/gda.html>
- Martínez E, Tirado J F, Cerón-Muñoz M F, Moreno M, Montoya A, Corrales J D y Calvo S J 2009 Caracterización genética del búfalo Murrah en Colombia usando marcadores microsatélite. Livestock Research for Rural Development. Volume 21, Article #14. <http://www.lrrd.org/lrrd21/1/mart21014.htm>
- Miller M P 1997 Tools for population genetic analyses (TFPGA) 1.3: A windows program for the analysis for allozyme and molecular population genetic data. Computer software distributed by autor. www.marksgeneticsoftware.net/tfpga.htm
- Moioli B, Georgoudis A, Napolitano F, Catillo G, Luciola S, Ligda C and Boyazoglu J 2001a Genetic diversity between Italian and Greek buffalo populations. Animal Genetic Resources Information. Livestock Production Science 70 :203–211. www.cattlenetwork.net/docs/agri/agri29_1.pdf
- Moioli, B, Georgoudis A, Napolitano F, Catillo G, Giubilei E, Ligda C and Hassanane M 2001b Genetic diversity between Italian, Greek and Egyptian buffalo populations. Livestock Production Science 70: 203–211

- Moore S S and Byrne K 1993 Dinucleotide polymorphism at the bovine calmodulin independent adenylylase locus. *Animal Genetics* 24:150.
- Moore S, Evans D and Byrne K 1995 A set of polymorphic ADN microsatellites useful in swamp and river buffalo. *Animal Genetics* 26: 355-359
- Mullis K and Faloona F 1987 Specific synthesis of DNA in Vitro via a polymerase catalyzed chain reaction. *Methods in enzymology* 155:335-350.
- Navani N, Jain P K, Gupta S, Sisodia B S and Kumar S 2002 A set of cattle microsatellite DNA markers for genome analysis of riverine buffalo (*Bubalus bubalis*). *International Society for Animal Genetics, Animal Genetics* 33: 149-154
- Ponsuksili S, Wimmers K, Schmoll F, Horst P y Schellander K 1999 Comparison of multilocus DNA fingerprints and microsatellites in an estimate of genetic distance in Chicken. *The Journal of Heredity* 90: 656-659
<http://jhered.oxfordjournals.org/cgi/reprint/90/6/656>
- Rastogi L and Rastogi R K 2004 Buffalypso. The water buffaloes of Trinidad and Tobago. Ministry of Agriculture, Land and Marine Resources Trinidad, Department of Food Production The University of the West Indies Trinidad, Livestock and Livestock Products Board.
- Ritz L R, Glowatzki-Mullis M L, MacHugh D E, Gaillard C 2000 Phylogenetic analysis of the tribe bovini using microsatellites. *International Society for Animal Genetics* 31:178-185
- Sanint L F 2006 Pasado, presente y futuro del búfalo en Colombia. III Simposio Búfalo de las Américas en Medellín. p 32-34.
- Steigleder C S, Almeida E A and Weimer T A 2004 Genetic Diversity of a Brazilian Creole Cattle Based on Fourteen Microsatellite Loci. *Archivos de Zootecnia* 53:3-11.
<http://www.uco.es/organiza/servicios/publica/az/articulos/2004/201/pdf/01Steigleder.pdf>
- Vaiman D, Mercier D, Moazami-Goudarzi K, Eggen A, Ciampolini R, Lépingle A, Velmata R, Kaukinen J, Varvio S-L, Martin P, Levéziel H and Guérin G 1994 A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mammalian Genome* 5: 288-297.
- Vijh R K, Tantiya M S, Mishra B and Bharani Kumar S T 2008 Genetic relationship and diversity analysis of Indian water buffalo (*Bubalus bubalis*). *American Society of Animal Science. Journal of Animal Science* 86:1495–1502.
<http://jas.fass.org/cgi/reprint/86/7/1495.pdf>
- Wigginton J E, Cutler D J and Abecasis G R 2005 A Note on Exact Tests of Hardy-Weinberg Equilibrium. *American Journal of Human Genetics* 76(5): 887–893. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1199378/>
- Xuebin Q, Jianlin H, Lkhagva B, Chekarova I, Badamdorj D, Rege J E O and Hanotte O 2005 Genetic diversity and differentiation of Mongolian and Russian yak populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 122:117–126
<http://www2.hu-berlin.de/agrar/ntoe/pdf/2005-09-nam/topic04-yak.PDF>

Volver a: [Producción de búfalos](#)