

Accepted Manuscript / Manuscrito Aceptado

Title Paper/Título del artículo:

Variabilidad genética y estructura de población del ganado criollo Nunkiní en Campeche, México

Genetic variability and population structure of Nunkiní criollo cattle in Campeche, Mexico

Authors/Autores: Cruz-Clemente, G.D.J., Sierra-Vásquez, A.C., Estrada-León, R.J., Severino-Lendecky, V.H., Piñeiro-Vázquez, A., Reyes-Ramírez, A., Bojórquez-Cat, J.C., López-Iglesias, B.A., Parra-Bracamonte, G.M.

ID: e2028

DOI: <https://doi.org/10.15741/revbio.13.e2028>

Received/Fecha de recepción: July 12th 2025

Accepted /Fecha de aceptación: September 06th 2026

Available online/Fecha de publicación: September 11th 2026

Please cite this article as/Como citar este artículo: Cruz-Clemente, G.D.J., Sierra-Vásquez, A.C., Estrada-León, R.J., Severino-Lendecky, V.H., Piñeiro-Vázquez, A., Reyes-Ramírez, A., Bojórquez-Cat, J.C., López-Iglesias, B.A., Parra-Bracamonte, G.M. (2026). Genetic variability and population structure of Nunkiní criollo cattle in Campeche, Mexico. *Revista Bio Ciencias*, 13, e2028. <https://doi.org/10.15741/revbio.13.e2028>

This is a PDF file of an unedited manuscript that has been accepted for publication. As a service to our customers we are providing this early version of the manuscript. The manuscript will undergo copyediting, typesetting, and review of the resulting proof before it is published in its final form. Please note that during the production process errors may be discovered which could affect the content, and all legal disclaimers that apply to the journal pertain.

Este archivo PDF es un manuscrito no editado que ha sido aceptado para publicación. Esto es parte de un servicio de Revista Bio Ciencias para proveer a los autores de una versión rápida del manuscrito. Sin embargo, el manuscrito ingresará a proceso de edición y corrección de estilo antes de publicar la versión final. Por favor note que la versión actual puede contener errores de forma.

Artículo original/ Original article

Variabilidad genética y estructura de población del ganado criollo Nunkiní en Campeche, México

Genetic variability and population structure of Nunkiní criollo cattle in Campeche, Mexico

Variabilidad genética del ganado Nunkiní /

Genetic variability of Nunkiní cattle

*Cruz-Clemente, G.D.J.*¹ (<https://orcid.org/0000-0002-8623-9164>), *Sierra-Vásquez, A.C.*¹ (<https://orcid.org/0000-0002-9544-3706>), *Estrada-León, R.J.*^{1,2} (<https://orcid.org/0000-0002-0987-9053>), *Severino-Lendechy, V.H.*³ (<https://orcid.org/0000-0001-6265-1384>), *Piñeiro-Vázquez, A.*¹ (<https://orcid.org/0000-0002-8400-4046>), *Reyes-Ramírez, A.*¹ (<https://orcid.org/0000-0003-2348-5146>), *Bojórquez-Cat, J.C.*¹ (<https://orcid.org/0000-0001-6607-6276>), *López-Iglesias, B.A.*⁴ (<https://orcid.org/0009-0001-7250-4393>), *Parra-Bracamonte, G.M.*^{5*} (<https://orcid.org/0000-0002-9327-2042>)

¹Tecnológico Nacional de México, Campus Conkal. Avenida Tecnológico S/N, Conkal, Yucatán, México. 97345.

²Tecnológico Nacional de México, Campus Calkiní. Avenida Ah-Canun, S/N, por carretera federal San Felipe, Calkiní, Campeche, México. 24900.

³Centro de Estudios Etnoagropecuarios. Blvd. Javier López Moreno, Barrio de Fátima San Cristóbal de las Casas Chiapas. Universidad Autónoma de Chiapas, México, 29264.

⁴Laboratorio de Genética y Oncología Molecular, Universidad Nacional Autónoma de México, FES Iztacala. Av. de los Barrios 1, Hab. Los Reyes Iztacala Barrio de los Árboles/Barrio de los Héroes, Tlalnepantla, México, 54090.

⁵Centro de Biotecnología Genómica del Instituto Politécnico Nacional. Blvd. del Maestro s/n esq. Elías Piña Col. Narciso Mendoza CP 88710, Reynosa, Tamaulipas, México, 88710.

***Corresponding author:**

Gaspar Manuel Parra-Bracamonte. Centro de Biotecnología Genómica del Instituto Politécnico Nacional. Blvd. del Maestro s/n esq. Elías Piña Col. Narciso Mendoza CP 88710, Reynosa, Tamaulipas, México, 88710. E-mail: gparra@ipn.mx

RESUMEN

El ganado criollo es un tipo de animal que se originó a partir del ganado introducido por los colonizadores ibéricos a América y a través de los siglos se adaptó a condiciones ambientales diversas, en ocasiones severas. El ganado criollo Nunkiní constituye una pequeña población de animales que subsiste en una comunidad cerrada de Campeche, México, bajo condiciones precarias nutricionales y sanitarias. Se ha caracterizado por su capacidad reproductiva y adaptación a condiciones tropicales, y se ha establecido como un ganado con potencial de doble propósito (leche y carne). El objetivo del presente estudio es evaluar la variabilidad y la estructura genética de la población actual de ganado criollo Nunkiní. Métodos: Se utilizó información de un amplio arreglo de SNP para inferir la variabilidad y la estructura poblacional. Resultados: Se estimó una alta variabilidad y baja endogamia en nueve ranchos de muestra de estos animales. Conclusiones: Una ligera divergencia en la estructura poblacional sugiere una introgresión reciente y mezcla con razas cebú. Se discuten algunas implicaciones para el diseño de un esquema de rescate y uso genético para promover su multiplicación y garantizar su conservación.

PALABRAS CLAVE:

Ganado criollo, tamaño efectivo de la población, raza adaptada localmente, SNP.

ABSTRACT

Criollo cattle are a type of animal that originated from cattle brought by Iberian colonists to the Americas and, over centuries, adapted to diverse, sometimes harsh, environmental conditions. The Nunkiní criollo cattle are a small population of animals that still subsist in precarious nutritional and sanitary conditions in a closed community of Campeche, Mexico. Has been characterized by its reproductive ability and adaptation to tropical conditions, and is considered a potentially dual-purpose (i.e., dairy and meat) cattle breed. The aim of the present study is to assess variability and structure of current population of Nunkiní criollo cattle. Methods: Information of a large SNP array was used to infer genetic diversity and population structure. Results: Large variability and low inbreeding were estimated in nine sample ranches of these animals. Conclusions: Slight divergent population structure suggesting recent introgression and admixture with zebu breeds. Some implications for the design of a genetic rescue and use scheme to promote its multiplication and guarantee its conservation are discussed.

KEY WORDS:

Creole cattle, effective population size, locally adapted breed, SNP.

Introducción

En México, la actividad ganadera comenzó con la introducción de ganado por los colonos españoles, que con el tiempo se convirtió en un tipo de animal conocido como Criollo, que durante más de 500 años ha sido la base de la ganadería. Estos animales, tras un proceso de adaptación a diversos ecosistemas en condiciones difíciles, han desarrollado características únicas, como su alta rusticidad y resistencia a enfermedades (Perezgrovas-Garza, 2017). El ganado Criollo se ha desarrollado generalmente en condiciones de bajo acondicionamiento sanitario y de baja suplementación alimenticia, lo que ha generado ganado con una mínima inversión económica, sin dar demasiada importancia al potencial productivo, representando una opción de economía familiar para la unidad productiva rural (Flores & Gómez, 2014; Vera *et al.*, 2009).

En respuesta a la demanda de alimentos, la ganadería en México ha experimentado cambios para aumentar la producción, por lo que se han introducido diferentes razas como Hereford, Charolais, Brahman, Nellore, Brown Swiss, Indubrazil, Gir, Beefmaster, Simmental, Limousin,

Brangus, Angus, entre otras. Algunas de ellas no tuvieron éxito porque eran razas especializadas para condiciones de manejo específicas y, en su momento, se introdujeron en zonas no aptas para ellas, además de no recibir un manejo adecuado. Sin embargo, algunas de estas razas sí lograron adaptarse, desplazando la base ganadera de México y Latinoamérica, que conformaba las primeras poblaciones de razas europeas adaptadas al continente americano. Actualmente existen seis ecotipos criollos en México identificados por la base de datos mundial de la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (DAD-IS-FAO, 2024): Rarámuri, Romosinuano, Mixteco, Lechero Tropical, Chinampo y Nunkiní (Canales, 2014; Espinoza *et al.*, 2009; Ginja *et al.*, 2019; López-Caraveo *et al.*, 2023; Martínez-Rocha *et al.*, 2021; McIntosh *et al.*, 2020; Perezgrovas-Garza, 2017).

La introducción de razas comerciales ha provocado una pérdida de interés en continuar con la ganadería con razas adaptadas localmente o criollas, principalmente entre las nuevas generaciones de ganaderos o criadores que buscan maximizar la producción mediante la incorporación de razas especializadas en sus prácticas. Si se comparan las razas de ganado adaptadas localmente con las razas transfronterizas, las razas criollas presentan mayores cualidades en cuanto a fertilidad, lo que justifica la promoción de la conservación de estos recursos animales (Tewolde, 1997).

La conservación y el uso de los recursos zoogenéticos requieren la caracterización de estas razas para conocer su línea de origen, localizar el territorio donde se desarrollan y realizar análisis genéticos del ecotipo (De Alba, 2011; FAO, 2007; Quiroz, 2007). Sin embargo, el aspecto productivo es intrínseco a las características genéticas de las razas; además de su vocación productiva, también se observan resistencia a enfermedades, menor impacto ambiental en el pastoreo y rusticidad (Núñez-Domínguez *et al.*, 2016). El ganado criollo Nunkiní en Campeche, México, es una raza adaptada localmente y conservada in situ por algunos productores de edad avanzada. Sin embargo, se encuentra en una situación crítica de riesgo debido a que se desconoce su potencial genético, a pesar de que existen estudios de su sistema de producción ganadera y caracterización morfológica (Cruz *et al.*, 2024; López-Caraveo *et al.*, 2023; Severino *et al.*, 2021).

A pesar de los estudios morfológicos y productivos previos (López-Caraveo *et al.*, 2023; Cruz *et al.*, 2024; Severino *et al.*, 2021), el ganado criollo Nunkiní carece de una caracterización genómica que permita evaluar objetivamente su variabilidad interna, niveles de endogamia y posible introgresión con razas comerciales, aspectos críticos para diseñar estrategias de conservación (FAO, 2007; Núñez-Domínguez *et al.*, 2016). Dada su condición de población pequeña, aislada y en riesgo, y su manejo exclusivo por productores de edad avanzada, existe una amenaza latente de erosión genética, la cual puede traducirse en pérdida de alelos únicos asociados a adaptación local, reducción de la fertilidad y mayor vulnerabilidad ante cambios ambientales o sanitarios (Tewolde, 1997; De Alba, 2011). Por ello, el presente estudio representa el primer análisis de variabilidad y estructura poblacional mediante marcadores SNP de alta densidad en esta raza, aportando evidencia objetiva sobre su estado genético actual y permitiendo identificar signos tempranos de mezcla con *Bos indicus* que podrían comprometer su identidad y sostenibilidad a largo plazo (Ward *et al.*, 2024). Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue evaluar la variabilidad genómica y la estructura del ganado criollo Nunkiní de Campeche, como evidencia indispensable para fundamentar programas de rescate genético, multiplicación selectiva y conservación in situ de este recurso zoogenético mexicano.

Material y Métodos

Origen de las muestras

Se obtuvieron treinta y cinco muestras de ganado criollo de nueve localidades de Nunkiní, Campeche, México. Los sitios de muestreo se ubican en el municipio de Calkiní, Campeche, México (Figura 1), ubicado a 20°22'16" de latitud norte y 90°03'03" de longitud oeste, a 13 metros sobre el nivel del mar. La región presenta veranos cortos, calurosos y húmedos, mientras que los inviernos son cálidos y húmedos, con una precipitación media anual de 1253.8 mm durante los meses de mayo a agosto. A lo largo del año, la temperatura generalmente oscila entre 18 °C y 36 °C, siendo poco común que baje de 13 °C o supere los 39 °C (INEGI, 2021). Previamente los hatos de origen han

sido descritos por López-Caraveo *et al.* (2023) y Cruz *et al.* (2024), con características de sistema vaca-cría destinado a producir becerros y leche.



Figura 1. Mapa de la localización de Nunkiní en el estado de Campeche de México.

Los animales y sitios de muestra se seleccionaron bajo los siguientes criterios: 1) Los sitios estaban ubicados dentro de la localidad de Nunkiní y, 2) Los animales tenían el patrón fenotípico (Figura 2) y las tendencias reportadas para la raza de ganado criollo Nunkiní (López-Caraveo *et al.*, 2023). Se realizó un muestreo dirigido (Hernández *et al.*, 2014) durante 2021 y se seleccionaron nueve ranchos: El limón (LMN, $n = 2$), San Román (SRO, $n = 4$), San Ramón (SRA, $n = 7$), San Diego (SDG, $n = 3$), Rancho Ceco (RCO, $n = 4$), Dios Mío (DMO, $n = 5$), Chél Pak (CHP, $n = 6$), El Cedro (CDR, $n = 2$) y San José (SJO, $n = 2$). Además, se incluyeron cinco muestras de ganado cebú como grupo exogámico (ZBU, $n=5$). El estudio recibió la aprobación ética del Comité de Posgrado e Investigación (CIPI) del TecNM en enero de 2021.

Las muestras de sangre se obtuvieron y almacenaron en tubos BD Vacutainer® con EDTA, siguiendo las directrices de Guerrero-García (2016). Las muestras se almacenaron hasta su procesamiento para DNA en el laboratorio del Departamento de Genética de la Facultad de Medicina Veterinaria de la UNAM, Ciudad de México.



Figura 2. Ejemplares hembras y machos de ganado criollo de Nunkiní, Campeche, México. Manejo de datos genotípicos y control de calidad

Las muestras disponibles de ganado criollo Nunkiní se genotipificaron mediante el arreglo GGP Bovine SNP 100K de Illumina (Neogen, Lansing, Michigan, EE. UU.). Los archivos de genotipos originales incluyeron 138 248 variantes. Adicionalmente información genotípica de cinco animales cebú comerciales con el arreglo Illumina Bovine700k, con más de 770 mil SNPs fueron incluidos. La fusión de los dos conjuntos de datos genotípicos consideró la identidad del SNP, el cromosoma y la localización (Pb) dentro del genoma utilizando el software PLINK 1.9 (Chang *et al.*, 2015).

El control de calidad a partir de los datos genotípicos fusionados incluyó la verificación del MAF $> 0,05$, una tasa de genotipado de 0,99 y una tasa de omisión de 0,10. Tras el control de calidad, se conservaron 89 349 variantes con una tasa de genotipificación de 99%, excluyendo los cromosomas sexuales. Todos los procedimientos de control de calidad, así como la estimación de la heterocigosis y el coeficiente de consanguinidad, se realizaron con el software PLINK 1.9 (Chang *et al.*, 2015).

Análisis de diversidad y estructura genética

El tamaño efectivo de la población (N_e) se estimó utilizando el software SNeP v. 1.1 (Barbato *et al.*, 2015). Se evaluaron algunos parámetros de diversidad y tipos de selección. Se realizó un análisis de divergencia considerando el estadístico F_{st} (Wright, 1943) y las distancias genéticas de Nei (Nei, 1972), generadas mediante funciones del paquete StAMPP (Pembleton *et al.*, 2013). También se estimaron las funciones de las estimaciones de F_{st} a nivel de genoma para poblaciones pareadas. Las distancias genéticas de Nei se analizaron posteriormente mediante el procedimiento de unión vecinal (Saitou & Nei, 1987) en T-Rex (Boc *et al.*, 2012) para la reconstrucción de un árbol filogenético visualizado en iTol v.8 (Letunic & Bork, 2024). De forma complementaria, se realizó una evaluación de la estructura poblacional mediante LEA Software (Frichot & François, 2015). Todos los procedimientos se calcularon mediante el pipeline de software SAMBAR (de Jong *et al.*, 2021) en un entorno de software R (R Core Team, 2013).

Resultados y Discusión

La Tabla 1 presenta algunos parámetros de variabilidad para diferentes sitios de muestreo de Nunkiní del ganado criollo de Campeche. La heterocigosidad observada (H_o) presenta valores de 0.243 a 0.430, mientras que la heterocigosidad esperada (H_e) no se desvió significativamente de estos valores. Los coeficientes de consanguinidad fueron negativos, excepto para SDG, con un F_{is} = 0.097 (Tabla 1). El tamaño efectivo de la población (N_e) se estimó para las últimas 150 generaciones (Figura 3). La estimación mostró una disminución lineal ($R^2=0.99$) del N_e , de 704 animales a 62 animales en la última generación.

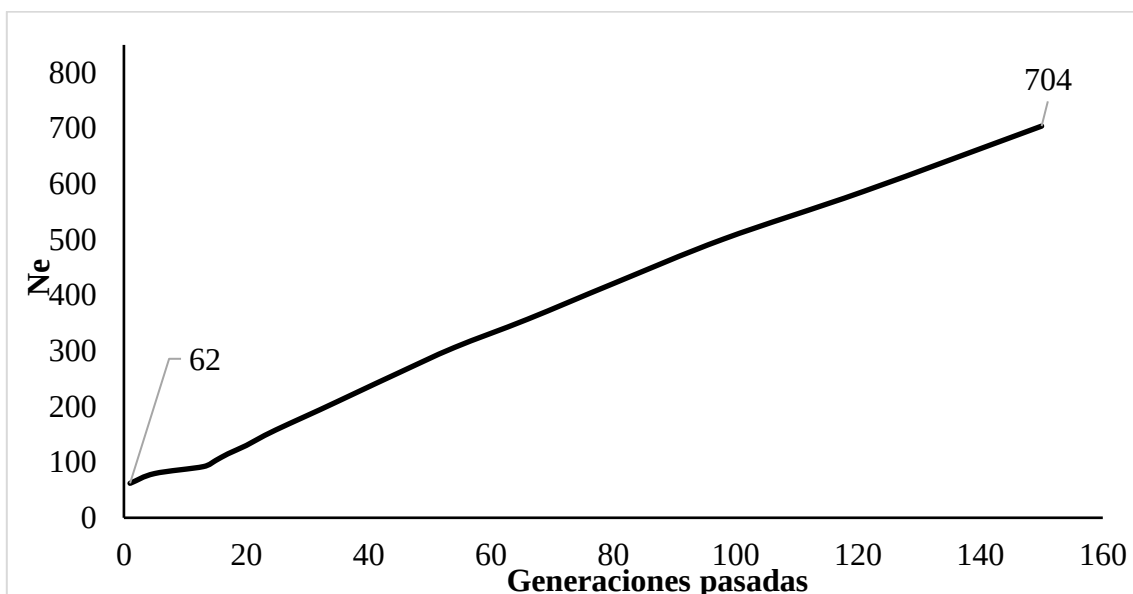


Figura 3. Disminución del tamaño efectivo poblacional (N_e) del ganado criollo Nunkiní de Campeche de las últimas 150 generaciones.

En la Figura 4 se presenta una comparación pareada entre las estimaciones de distancias genéticas de F_{st} y N_e a nivel genoma completo. Se observó una correlación entre estas distancias, que mostró una divergencia más pronunciada entre los animales SJO con RCO, LMN, CDR y ZBU de la muestra del grupo externo ZBU. Por el contrario, se observó una relación más estrecha entre CHP y SRA, SRO y DMO, que presentó la relación más estrecha con DMO.

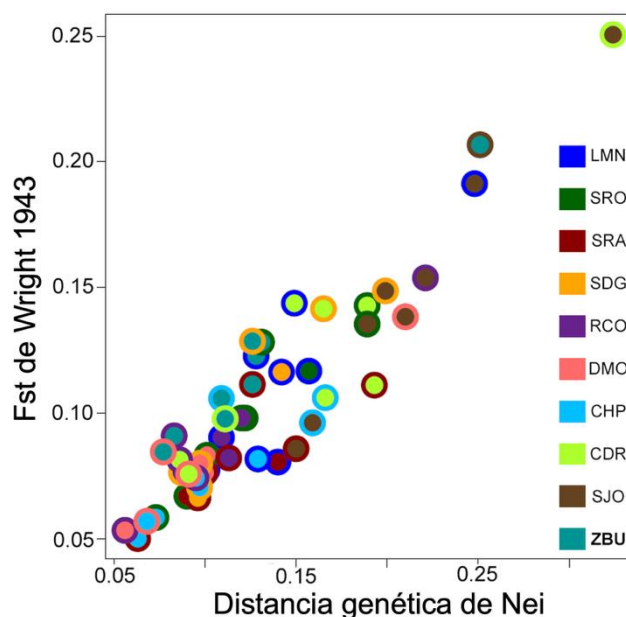


Figura 4. Relación entre las distancias genéticas (D) de Nei y F_{st} de Wright 1943 pareadas entre el ganado Nunkiní Criollo de Campeche y una muestra de Cebú exogámico (ZBU).

El ganado criollo Nunkiní de Campeche es una población reducida de animales que aún subsiste en condiciones nutricionales y sanitarias difíciles en una comunidad cerrada de México (López-Caraveo *et al.*, 2023). Es un recurso zoogenético local considerado en peligro, manejado principalmente bajo sistemas de producción rural extensiva (Cruz *et al.*, 2024). Esta raza se caracteriza por un gran patrón fenotípico, con uniformidad morfológica y un biotipo claramente dolicocefálico, fácil de parir, con buena aptitud lechera y con una tendencia intermedia al desarrollo de tejido muscular en la zona de los cortes más valiosos, lo que la lleva a describir una aptitud de doble propósito (López-Caraveo *et al.*, 2023). La evidencia encontrada sobre las distancias genéticas indica que existen diferentes niveles de divergencia entre hatos estudiados.

Tabla 1. Parámetros de diversidad genética del ganado criollo Nunkiní estudiado en Campeche, México.

Sitio	Ho	He	Fis
LMN	0.380	0.395	-0.450
SRO	0.382	0.385	-0.253
SRA	0.430	0.435	-0.130
SDG	0.295	0.305	0.097
RCO	0.392	0.440	-0.310
DMO	0.310	0.385	-0.180
CHP	0.389	0.420	-0.150
CDR	0.243	0.240	-0.380
SJO	0.385	0.380	-0.210

Ho: Heterocigosis observada; He: Heterocigosis esperada; Fis: coeficiente de consanguinidad.

En el presente estudio, se estimaron algunos parámetros de variabilidad genética para los diferentes sitios de muestreo de esta raza. Las estimaciones de heterocigosis, fueron similares o levemente superiores a las reportadas en diferentes razas criollas. Martínez-Rocha *et al.* (2021), reportaron valores de 0,326 y 0,310, respectivamente, para las razas criollas tropicales Romosinuano y Criollo Lechero de México. Martínez *et al.* (2023) también encontraron un rango de estimaciones en seis bovinos criollos colombianos, de 0.240 a 0.41. Aguirre *et al.* (2014), para la raza Criollo del sur de Ecuador, utilizando un panel de 28 microsatélites, encontraron valores importantes para Ho y He, de 0.74 ± 0.017 y 0.676 ± 0.013 , respectivamente, lo que indica la existencia de una alta diversidad molecular para la raza.

De manera consistente, los valores de Fis estimados en todos los sitios de muestreo de bovinos criollos Nunkiní de Campeche fueron cercanos a cero o negativos, con la excepción de SDG, que presentó valores de Fis positivos y más altos. Resultados similares de bajos coeficientes de consanguinidad se reportan para la raza de ganado Palmera de las Islas Canarias, España, que, a pesar de ser una población pequeña, sugieren una alta variabilidad genética y estabilidad en la población, con una estimación de Fis = 0.0128 (Benavente *et al.*, 2017). Martínez *et al.* (2023) encontraron un rango de estimaciones de Fis en seis bovinos criollos colombianos, de 0.018 a 0.056.

Por otro lado, en un estudio realizado con hembras de un rebaño de ganado criollo Macabea en la Amazonía ecuatoriana, Garcés *et al.* (2018) observaron valores de consanguinidad considerables ($F_{is} = 0.089 \pm 0.12$), un elemento a considerar al diseñar un plan de recuperación y conservación. Al respecto, los resultados actuales sugieren que la mayoría de los hatos estudiados exhibieron niveles de incremento de heterocigosidad y ausencia de consanguinidad, sin embargo, el rigén del flujo genético es un factor al que se debe prestar atención, por riesgo de introducción de material genético exógeno, o por el contrario el posible riesgo futuro de pérdida de diversidad genética.

El tamaño efectivo de la población (N_e) mostró un valor ligeramente superior al sugerido por Hodges (1992) como suficiente para evitar la consanguinidad, definiendo el N_e como un indicador de la variación genética de una población que describe el número de individuos que se aparean aleatoriamente y contribuyen a la siguiente generación. Otros estudios han documentado tamaños de población similares en otras razas criollas. Cañas-Álvarez *et al.* (2023), en Romosinuano, Colombia, reportaron un rango de N_e de 69 a 120 animales mediante diferentes enfoques genealógicos. Ocampo *et al.* (2020), en Blanco Orejiegro Negro de Colombia, estimaron 123,75 animales, también con un enfoque genealógico. Martínez-Rocha *et al.* (2021) estimaron un $N_e = 99$ para Romosinuano y 56 para Criollo Lechero Tropical de México. Por lo tanto, la disminución del N_e desde la posible introducción de las razas ibéricas de origen es similar en diferentes razas de ganado criollo. Para la raza Nukiní de Campeche, el aislamiento e identidad particulares podrían servir como criterio para que la población sea considerada para la conservación activa (FAO, 2007).

La variación genética observada entre los hatos de ganado Nukiní de Campeche mostró distintos grados de diferenciación. En general, los valores de F_{st} superiores a 0,15 suelen indicar niveles significativos de diferenciación, mientras que los valores de F_{ST} cercanos a 0,05 indican una diferenciación genética moderada y flujo génico (Hartl & Clark, 2007). La presente comparación mostró que existe una variabilidad moderada y, en algunos casos, alta entre animales de diferentes hatos. Esto no suele observarse en las poblaciones criollas. Por ejemplo, en el ganado criollo del sur del Ecuador, se observó poca diferenciación entre los grupos poblacionales estudiados, con un valor medio de $F_{st} = 0.0008$ (Aguirre *et al.*, 2014); sin embargo, la naturaleza de los hatos objeto de atención de investigación reciente requiere ser mejor delimitada y caracterizada para comprender mejor sus niveles de variabilidad y estructura.

Un análisis adicional de las distancias genéticas de Nei para una reconstrucción del árbol filogenético por unión de vecinos se muestra en la Figura 5. Este análisis mostró tres grupos de sitios de muestra, uno construido para SDG aislado, un segundo con SRO, CHP, SJO y SRA, y el tercero construido con LMN, DMO, RCO, CDR y ZBU. La estructura filogenética encontrada pareció coincidir con los coeficientes de ascendencia de la estructura poblacional, cuyo criterio de entropía cruzada confirmó una baja ($K = 2$) mayor probabilidad de grupos de ascendencia de las muestras evaluadas, incluido el grupo exogámico (Figura 6). El análisis de la estructura mostró que la misma ascendencia de ZBU probablemente se comparte con algunos animales criollos de los sitios muestreados de Nukiní.

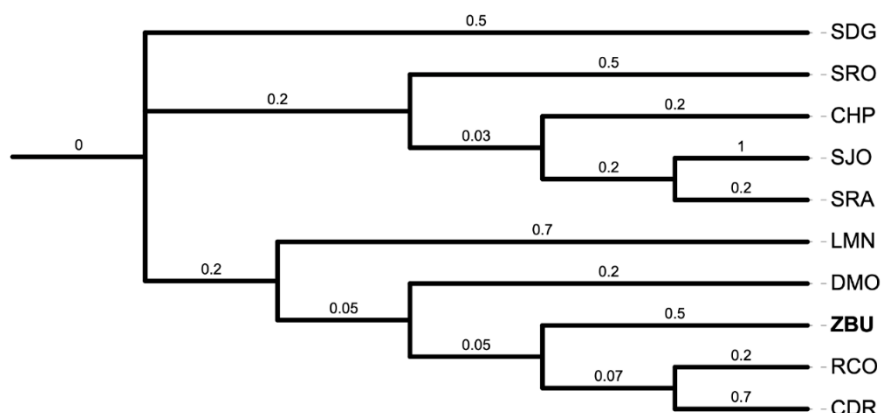


Figura 5. Árbol filogenético de unión de vecinos a partir de las distancias genéticas de Nei de Nunkiní de ganado Criollo de Campeche y una muestra exogámica Cebú (ZBU).

Generalmente, algunos estudios evalúan la integridad de la variabilidad genética de las razas asumiendo que la introgresión podría representar un riesgo de pérdida de diversidad. Comúnmente, se sugiere que la introgresión cebú es el grupo genético más popular que amenaza la variabilidad de las poblaciones criollas locales en países tropicales (Ocampo *et al.*, 2020). La diferenciación observada entre el grupo ZBU y algunas muestras de Nunkiní de Campeche, y un análisis posterior con el análisis Neighbor Joining de Nei, confirmaron una introgresión ya muy probable de ganado cebú en algunos ranchos Nunkiní (p. ej., DMO, RCO). La relación encontrada fue confirmada por el análisis de estructura, que indica una mezcla de origen indicino en algunos sitios muestreados de Nunkiní. De manera similar, un estudio realizado en ganado Casanareño colombiano utilizando marcadores microsatélites, reveló que algunas subpoblaciones estudiadas de Casanareño mostraron un grupo de mezcla con la raza cebú Brahman (CB), lo que podría indicar una posible introgresión reproductiva (Ocampo *et al.*, 2020). Si bien se ha evidenciado recientemente que el ganado Criollo latinoamericano presenta cierta mezcla con *Bos indicus* (Ward *et al.*, 2024), el nivel de mezcla genética es más compatible con una introgresión reciente (Decker *et al.*, 2014), como mencionan López-Caraveo *et al.* (2023).

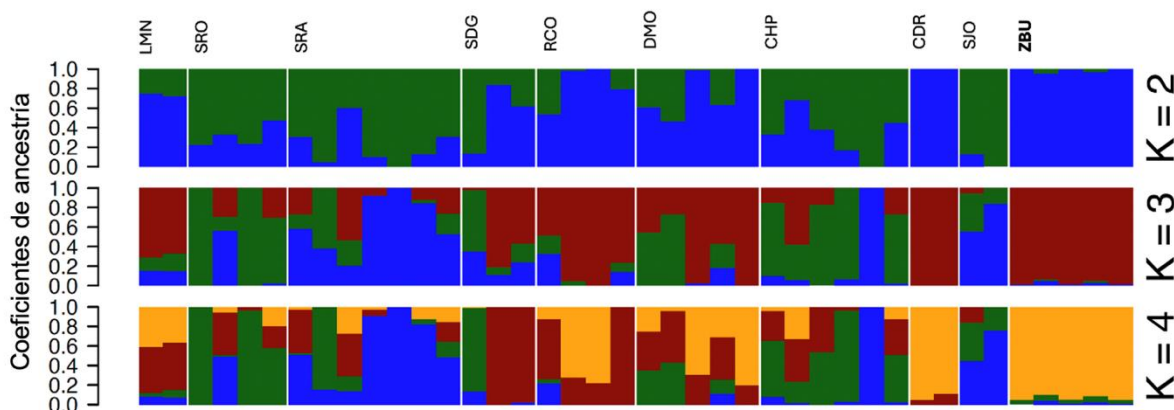


Figura 6. Coeficientes de ascendencia estimados de la estructura poblacional K= 2 a K= 4 del ganado criollo Nunkiní de Campeche, México.

En términos generales, el ganado Criollo constituye un importante recurso genético animal que requiere atención para su preservación, dadas sus características de aislamiento y censo (López-Caraveo *et al.*, 2023). La importancia de este tipo de ganado, adaptado localmente, ha sido

recientemente destacada por Ward *et al.* (2024), cuya investigación detectó firmas de selección asociadas con numerosos rasgos adaptativos, destacando la notable adaptabilidad del ganado Criollo y el potencial de estas razas frente al cambio climático, el flujo de hábitat y los desafíos de las enfermedades. Por ello, se deben tomar acciones para superar el riesgo de desaparición o erosión genética, mediante la articulación de los ganaderos con entidades académicas, de investigación y desarrollo, regionales y gubernamentales (Parra *et al.*, 2021).

A pesar de los hallazgos relevantes, el presente estudio presenta limitaciones metodológicas que son importantes de mencionar. El tamaño muestral reducido ($n=35$) y el número desigual de individuos por predio (rango de 2 a 7) limitan la precisión de las estimaciones de diversidad genética y pueden introducir sesgos en los parámetros de diferenciación poblacional (F_{st}) y endogamia (F_{is}) (Nielsen *et al.*, 2011; Benavente *et al.*, 2017). No obstante, la importancia de distinguir estos parámetros con la población actual es fundamental para establecer la necesidad de atención dirigida a la preservación y diseño de programas de fomento de la raza.

Adicionalmente, el muestreo dirigido con base en características fenotípicas, aunque necesario para identificar ejemplares típicos de la raza, puede subestimar la variabilidad críptica y favorecer la omisión de animales con posible introgresión no evidente morfológicamente (López-Caraveo *et al.*, 2023; Cruz Clemente *et al.*, 2024). La ausencia de un panel de referencia que incluya razas ibéricas ancestrales y otras poblaciones criollas en América limita la capacidad para inferir con certeza el origen y la magnitud de la mezcla genética con *Bos indicus*, más allá de lo sugerido por el análisis de estructura poblacional (Decker *et al.*, 2014; Ward *et al.*, 2024).

En términos de perspectivas, se recomienda implementar un esquema integral de manejo genético que combine la multiplicación selectiva de animales con baja endogamia (F_{is} cercanos a cero o negativos) y la exclusión controlada de individuos con evidencia de introgresión reciente de cebú, especialmente en ranchos como DMO y RCO (Ocampo *et al.*, 2020). Se sugiere establecer un programa de conservación in situ articulado con unidades de producción familiar, complementado con un banco de germoplasma ex situ (FAO, 2007). Finalmente, estudios posteriores utilizando paneles de SNP de mayor densidad y la implementación de poblaciones de origen criollo e ibérico permitirían identificar firmas de selección asociadas a la adaptación local, lo que potenciaría el valor del ganado Nunkiní como recurso zoogenético frente a las cambiantes condiciones ambientales provistas por el cambio climático (Ward *et al.*, 2024; Parra *et al.*, 2021).

Conclusiones

El ganado criollo Nunkiní de Campeche, México, exhibe una variabilidad y estabilidad genéticas significativas en relación con sus tasas de consanguinidad y tamaño efectivo poblacional. La evidencia de las distancias genéticas y de la estructura poblacional observada indica que una introgresión reciente con ganado cebú podría comprometer los esfuerzos de conservación de esta pequeña población criolla aislada. Se recomienda realizar esfuerzos para diseñar un esquema de rescate y de uso genético que promueva la multiplicación de la raza y garantice su conservación.

Contribución de los autores

GJ Cruz-Clemente, Curación de datos, Investigación, Visualización, Redacción del borrador original, Redacción, revisión y edición. AC Sierra-Vásquez, Conceptualización, Obtención de fondos, Administración del proyecto, Recursos, Supervisión, Validación, Redacción, revisión y edición. Raciél Javier Estrada-León, Investigación, Supervisión, Validación, Redacción, revisión y edición. VH Severino L, A Piñeiro-Vázquez, A Reyes R y JC Bojórquez-Cat, Supervisión, Redacción, revisión y edición. BA López I, Curación de datos, Metodología, Validación, Redacción, revisión y edición. GM Parra-Bracamonte, Análisis formal, Investigación, Metodología, Recursos, Software, Supervisión, Validación, Visualización, Redacción, revisión y edición.

Agradecimientos

Los autores agradecen al Tecnológico Nacional de México el financiamiento otorgado al proyecto con código 7109.19P. Este trabajo formó parte de la tesis doctoral del primer autor en el Tecnológico Nacional de México/Campes Conkal, Yucatán.

Conflicto de intereses

Los autores declaran que no tienen conflicto de intereses que declarar.

Referencias

- Aguirre Riofrio, L., Apolo, G., Chalco, L., & Martínez, A. (2014). Caracterización genética de la población bovina criolla de la Región Sur del Ecuador y su relación genética con otras razas bovinas. *Animal Genetic Resources*, 54, 93-101. <https://doi.org/10.1017/S2078633613000313>
- Barbato, M., Orozco-terWengel, P., Tapio, M., & Bruford, M. W. (2015). SNeP: a tool to estimate trends in recent effective population size trajectories using genome-wide SNP data. *Frontiers in genetics*, 6, 109. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00109>
- Benavente, M., Santana, R., & Delgado, J. (2017). Gestión de la consanguinidad en la raza bovina palmera. AICA, 10: 78-82. https://avapal.com/wp-content/uploads/2018/04/AICA2017GUAT_Trabajo014.pdf
- Boc, A., Diallo, A. B., & Makarenkov, V. (2012). T-REX: a web server for inferring, validating and visualizing phylogenetic trees and networks. *Nucleic Acids Research*, 40(W1), W573-W579. <https://doi.org/https://doi.org/10.1093/nar/gks485>
- Canales, A. (2014). Caracterización genética y morfológica de vacas de la raza Criollo-Lechero Tropical. Universidad Veracruzana, 1-105. <https://cdigital.uv.mx/handle/123456789/39985>
- Cañas-Álvarez, J. J., Ossa-Saraz, G. A., Garcés-Blanquiceth, J. L., & Burgos-Paz, W. O. (2023). Genealogical structure of the Colombian Romosinuano Creole cattle. *Tropical Animal Health and Production*, 55(5), 292. <https://doi.org/10.1007/s11250-023-03694-1>
- Chang, C. C., Chow, C. C., Tellier, L. C., Vattikuti, S., Purcell, S. M., & Lee, J. J. (2015). Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets. *Gigascience*, 4(1), s13742-015. <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>
- Cruz Clemente, G. d. J., Estrada-León, R. J., Sierra Vázquez, A. C., Severino-Lendecky, V. H., Piñero Vázquez, A. T., & Bojórquez Cat, J. C. (2024). El bovino criollo de Nunkiní, Campeche, México un recurso zoogenético en riesgo. *Agronomía Mesoamericana*, 35(1), 54368. <https://doi.org/https://doi.org/10.15517/am.2024.54368>
- Domestic Animal Diversity Information System [DAD-IS-FAO]. (2024, December 05). Domestic Animal Diversity Information System, Food and Agriculture Organization of the United Nations. <https://www.fao.org/dad-is/en>
- De Alba, J. (2011). El libro de los bovinos criollos de América. México, DF. Editorial Biblioteca Básica Agricultura (BBA)
- de Jong, M. J., de Jong, J. F., Hoelzel, A. R., & Janke, A. (2021). SambaR: An R package for fast, easy and reproducible population-genetic analyses of biallelic SNP data sets. *Molecular Ecology Resources*, 21(4), 1369-1379. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.13339>
- Decker, J. E., McKay, S. D., Rolf, M. M., Kim, J., Molina Alcalá, A., Sonstegard, T. S., Olivier Hanotte, O., Götherström, A., Seabury, C. M., Praharani, L., Babar, M. E., Regitano, L. C. de A., Mehmet Ali Yildiz, M. A., Michael P. Heaton, M. P., Wan-Sheng Liu, W.-S., Lei, C.-Z., James M. Reecy, J. M., Saif-Ur-Rehman, M., Schnabel, R. D. & Taylor, J.F. (2014). Worldwide patterns of ancestry, divergence, and admixture in domesticated cattle. *PLoS Genetics*, 10(3), e1004254. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004254>
- Espinoza Villavicencio, J. L., Guevara Franco, J. A., & Palacios Espinosa, A. (2009). Caracterización morfológica y faneróptica del bovino criollo Chinampo de México. *Archivos de zootecnia*, 58(222), 277-279. <https://pdfs.semanticscholar.org/400b/a817be9e6bd60c7b11c8e31d4334a1266cac.pdf>
- Food and Agriculture Organization of the United Nation [FAO]. (2007). Plan de Acción Mundial sobre los Recursos Zoogenéticos y la Declaración de Interlaken. Rome, Italy. <https://openknowledge.fao.org/bitstreams/a497f571-bf99-4985-a526-a6d44f52da36/download>
- Flores García, A., & Gómez Guzmán, E. (2014). La ganadería familiar, elemento cotidiano de los traspatios de la comunidad Juan Nepomuceno Álvarez, Copala, Guerrero, México. *Sitientibus série Ciências Biológicas*, 14. <https://doi.org/https://doi.org/10.13102/scb282>
- Frichot, E., & François, O. (2015). LEA: An R package for landscape and ecological association studies. *Methods in ecology and evolution*, 6(8), 925-929. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/2041-210X.12382>
- Garcés, M. I. V., Sánchez, A. R., Burgos, J. C. V., & Benítez, D. (2018). Caracterización genética e indicadores sanguíneos de la raza bovina criolla Macabea en la Amazonía ecuatoriana. *Revista Amazónica Ciencia y Tecnología*, 7(1), 1-11. <https://doi.org/10.59410/RACYT-v07n01ep01-0090>
- Ginja, C., Gama, L. T., Cortés, O., Burriel, I. M., Vega-Pla, J. L., Penedo, C., Sponenberg, P., Cañon, J., Sanz, A., do Egito, A. A. A., Alvarez, L. A., Giovambattista, G., Agha, S., Rogberg-Muñoz, A., Cassiano, L. M. A., BioBovis Consortium, Delgado, J. V. & Martinez, A. (2019). The genetic ancestry of American Creole cattle inferred from uniparental and autosomal genetic markers. *Scientific Reports*, 9(1), 11486. <https://doi.org/https://doi.org/10.1038/s41598-019-47636-0>

- Guerrero-García, A. (2016). Guía práctica para la colecta de muestras sanguíneas y vías de administración de medicamentos en bovinos. Universidad Cooperativa de Colombia, Facultad de Ciencias de la Salud, Medicina Veterinaria y Zootecnia, Bucaramanga. <https://doi.org/10.16925/greyliit.2096>
- Hartl, D., & Clark, A. (2007). Principles of population genetics. 4th ed. Sinauer Associates. Inc.
- Hodges, J. (1992). The management of global animal genetic resources. Proceedings of an FAO Expert Consultation, FAO Animal Production and Health Paper 104. <https://www.fao.org/4/t0665e/T0665E00.htm#TOC>
- Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI), 2021. Aspectos Geográficos Campeche 2021. https://www.inegi.org.mx/contenidos/app/areasgeograficas/resumen/resumen_04.pdf
- Letunic, I., & Bork, P. (2024). Interactive Tree of Life (ITOL) v6: recent updates to the phylogenetic tree display and annotation tool. *Nucleic Acids Research*, 52(W1), W78-W82. <https://doi.org/https://doi.org/10.1093/nar/gkae268>
- López-Caraveo, E., Estrada-León, R., Severino Lendechy, V., Bojórquez-Cat, J., & Sierra-Vásquez, A. (2023). Caracterización etnológica de vacas criollas en el Estado de Campeche, México. *Archivos de Zootecnia*, 72(279), 184-192. <https://doi.org/10.21071/az.v72i279.5732>
- Martínez-Rocha, R. E., Ramírez-Valverde, R., Núñez-Domínguez, R., García-Muñiz, J. G., & Parra-Bracamonte, G. M. (2021). Comportamiento de crecimiento y reproductivo en hembras bovinas Romosinuano. *Revista MVZ Córdoba*, 26(1), e2033-e2033. <https://doi.org/10.21897/rmvz.2033>
- Martínez, R., Bejarano, D., Ramírez, J., Ocampo, R., Polanco, N., Pérez, J. E., Onofre, H. G. & Rocha, J. F. (2023). Genomic variability and population structure of six Colombian cattle breeds. *Tropical Animal Health and Production*, 55(3), 185. <https://doi.org/10.1007/s11250-023-03574-8>
- McIntosh, M., Gonzalez, A., Cibils, A., Estell, R., Nyamuryekung'e, S., & Spiegel, S. (2020). PSVII-1 A preliminary phenotypic characterization of Raramuri Criollo cattle. *Journal of Animal Science*, 98(Suppl. 4), 307-307. <https://doi.org/10.1093/jas/skaa278.548>
- Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Saavedra-Jiménez, L., & García-Muñiz, J. (2016). La adaptabilidad de los recursos zoogenéticos Criollos, base para enfrentar los desafíos de la producción animal. *Archivos de Zootecnia*, 65(251), 461-468. <https://www.uco.es/ucopress/az/index.php/az/article/view/717>
- Ocampo Gallego, R., Ramírez Toro, J., Lopera Peña, J., Restrepo Castañeda, G., & Gallego Gil, J. (2020). Genetic diversity assessed by pedigree analysis in the Blanco Orejinegro (BON) cattle breed population from the Colombian germplasm bank. *Chilean Journal of Agricultural & Animal Sciences*, 36(1), 69-77. <http://dx.doi.org/10.29393/chjaas36-4d30004>
- Parra, C. R. I., Martínez, C. G., & Valderrama-Rodas, M. (2021). Situación actual y perspectivas de la ganadería de bovinos criollos en América Latina. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, 29(3-4), 79-90. <https://doi.org/10.53588/alpa.293401>
- Pembleton, L. W., Cogan, N. O., & Forster, J. W. (2013). St AMPP: An R package for calculation of genetic differentiation and structure of mixed-ploidy level populations. *Molecular Ecology Resources*, 13(5), 946-952. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12129>
- Perezgrovas-Garza, R. (2017). Las razas locales de bovinos criollos en la región Altos tzotzil-tzeltal de Chiapas. En Catálogo ilustrado de los bovinos criollos de México: razas locales y sistemas empíricos de manejo. Universidad Autónoma de Chiapas. Colección Boca de Monte XV. https://www.researchgate.net/publication/325369783_Catalogo_Ilustrado_de_los_Bovinos_Criollos_de_Mexico_Razas_locales_y_sistemas_empiricos_de_cria
- Quiroz, J. (2007). Caracterización genética de los bovinos criollos mexicanos y su relación con otras poblaciones bovinas [Tesis Doctoral, Universidad de Córdoba]. https://www.uco.es/conbiand/tesis/Jorge_Quiroz.pdf
- R Core Team (2013) R: A language and environment for statistical computing. <https://cran.r-project.org/doc/manuals/r-release/fullrefman.pdf>
- Saitou, N., & Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4(4), 406-425. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>
- Severino, L. V. H., Perezgrovas Garza, R. A., Ahuja Aguirre, C., Montiel Palacios, F., Peralta Torres, J. A., & Segura Correa, J. C. (2021). Caracterización socioeconómica y tecnológica de los sistemas productivos con bovinos criollos en Campeche, México. *Acta Universitaria*, 31. <https://doi.org/10.15174/au.2021.3102>
- Tewelde, A. (1997). Los Criollos bovinos y los sistemas de producción animal en los trópicos de América Latina. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, 5(4). <https://revista.alpaenlinea.org/index.php/alpa/article/view/219>
- Vera, A., Hernández, A., Espinoza, G., Ortega, R., Díaz, A., Román, P., Nuñez, H. G., Medina, C.M., Ruiz, L. (2009). Producción de leche de bovino en el sistema familiar. Libro técnico. 1a ed. México, INIFAP CIRGOC. https://redgatro.fmvz.unam.mx/assets/leche_sistemafamiliar.pdf
- Ward, J. A., Ng'ang'a, S. I., Randhawa, I. A., McHugo, G. P., O'Grady, J. F., Flórez, J. M., John A Browne, J. A., Pérez, O. A. M., Landaeta-Hernández, A. J., García, J. F., Sonstegard, T. S., Frantz, L. A. F., Salter-Townshend, M., & MacHugh, D. E. (2024). Genomic insights into the population history and adaptive traits of Latin American Criollo cattle. *Royal Society Open Science*, 11(3), 231388.
- Wright, S. (1943). An analysis of local variability of flower color in *Linanthus parryae*. *Genetics*, 28(2), 139. <https://doi.org/10.1093/genetics/28.2.139>