

NOTABREVE

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA POBLACIÓN BOVINA GUABALÁ MEDIANTE MICROSATÉLITES

GENETIC CHARACTERIZATION OF THE GUABALA BOVINE POPULATION WITH MICROSATELLITES

Villalobos Cortés, A.I.¹, A.M. Martínez², J.L. Vega-Pla³ y J.V. Delgado²

¹Instituto de Investigación Agropecuaria. Estación Experimental El Ejido. Los Santos. Panamá. z62vicoa@uco.es

²Departamento de Genética. Universidad de Córdoba. Edificio Gregor Mendel. Campus de Rabanales. 14014 Córdoba. España. ib2mamaa@uco.es

³Laboratorio de Investigación Aplicada. Servicio de Cría Caballar. Carretera Madrid-Cádiz, km 397. 14014 Córdoba. España. jvegpla@oc.mde.es

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Criollo. Conservación.

ADDITIONAL KEYWORDS

Creole. Conservation.

RESUMEN

Se caracterizó la población bovina Guabalá con un panel de 27 microsatélites seleccionados a partir de las recomendaciones de la FAO/ISAG (Food and Agriculture Organization/International Society of Animal Genetics) para estudios de biodiversidad genética bovina (FAO, 2004). Se analizaron muestras de ADN obtenidas de las poblaciones bovinas criollas Guabalá en la región Occidental de la República de Panamá y en la región del Valle de Antón, sitios donde se han ubicado ejemplares puros. La amplificación se realizó mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). La electroforesis se llevó a cabo mediante un secuenciador automático ABI PRISM 377 XL. La tipificación alélica se realizó con los paquetes informáticos Genescan v.3.2.3 y Genotyper v.3.7. Para cada microsatélite se calculó el contenido de información polimórfica (PIC), el número medio de alelos (Na), la heterocigosis observada (Ho), la heterocigosis esperada (He), el estadístico Fis, y equilibrio Hardy-Weinberg (HWE). Los valores obtenidos fueron: PIC: 0,6044; Na: 5,63; He: 0,6458; Ho: 0,6265; Fis: 0,0504. Se observó que 9 microsatélites estaban en desequilibrio ($p < 0,05$). Los valores se pueden considerar similares a los encontrados en otras poblaciones bovinas autóctonas españolas y permitirán realizar estudios minuciosos y analizar las relaciones de esta población con otras poblaciones bovinas.

SUMMARY

In the present work, a Guabala Creole cattle was characterized by a twenty-seven microsatellite panel, selected from a recommendation of FAO/ISAG. Samples of DNA were obtained from the Guabala Creole cattle population in the occidental region of the Republic of Panama and the Anton Valley, places where we found pure animals of this population. From each microsatellite, the polymorphic information content (PIC), mean number of alleles (Na), observed heterozygosity (Ho), expected heterozygosity (He), Fis statistic and the exact test for Hardy-Weinberg equilibrium (HWE) were calculated. The results found were: PIC: 0.6044; Na: 5.63; He: 0.6458; Ho: 0.6265; Fis: 0.0504. Nine microsatellites were in disequilibrium ($p < 0.05$). The results are considered in the same range that those obtained in Spanish native populations, this result, can lead to other detailed studies of this population and the relationship with other bovine's populations.

INTRODUCCIÓN

En años recientes las poblaciones autóctonas y criollas han ganado relevancia debido a su capacidad de adaptación, fertilidad y aprovechamiento de forraje de baja calidad, frente a razas especializadas que requieren una mayor inversión en sanidad,

Recibido: 20-8-08. Aceptado: 16-1-09.

Arch. Zootec. 58 (Supl. 1): 485-488. 2009.

alimentación y manejo reproductivo (Tewolde, 1997). La ganadería en Panamá se remonta al año 1521, cuando la corona española accedió a la solicitud de Pedro Arias de Ávila, fundador de la ciudad de Panamá, de importar cincuenta reses y otros bastimentos desde la isla de Santiago, actual Jamaica (Archivo General de Indias, 1521; Castro, 2006). Estos animales ingresaron vía Darién, donde no lograron una buena adaptación pero se reprodujeron muy bien en las ciudades de Panamá, Natá y en Remedios, pasando por la provincia costarricense de Guanacaste hasta Chiapas, México y hacia América del Sur por la ruta del Pacífico, en Perú (Archivo General de Indias, 1532; Archivo General de Indias, 1536; Cortés, 2002; Castro, 2006). La población bovina Guabalá fue recientemente identificada en manos de productores de la región de Remedios y Tolé y también en la zona de El Valle de Antón y es objeto de estudio debido a su buena adaptación a estas regiones.

Los marcadores moleculares tipo microsatélites de ADN han sido utilizados para estudios de caracterización y diversidad genética, relaciones genéticas entre poblaciones, influencia de una raza sobre otra (admixture), pruebas de paternidad, consanguinidad, cuellos de botella genéticos, entre otros (Spencer *et al.*, 2000; Quiroz *et al.*, 2004; Martínez *et al.*, 2005; Quiroz *et al.*, 2007). El objetivo de este trabajo ha sido caracterizar genéticamente la población bovina Guabalá mediante microsatélites.

MATERIAL Y MÉTODOS

En el presente trabajo se caracterizó la población bovina Guabalá con un panel de 27 microsatélites seleccionados a partir de las recomendaciones hechas por la FAO/ISAG (Food and Agriculture Organization/International Society of Animal Genetics) para realizar estudios de biodiversidad genética bovina (FAO, 2004). Se analizaron muestras de ADN obtenidas de las poblaciones bovinas criollas Guabalá en la región

Occidental de la República de Panamá y en la región del Valle de Antón, sitios donde se han ubicado ejemplares puros de esta población. Se estudiaron los siguientes microsatélites: BM8125, BM1314, BM1818, CSSM66, ETH10, INRA32, MM12, TGLA122, BM2113, CRSM60, ETH185, HAUT27, HEL13, HEL9, ILSTS6, INRA23, INRA37, INRA63, SPS115, TGLA227, BM1824, ETH225, ETH3, HAUT24, ILSTS011, INRA35, TGLA53. La amplificación se realizó mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). La electroforesis fue realizada mediante un secuenciador automático ABI PRISM 377 XL. La tipificación alélica se realizó con los paquetes informáticos Genescan v.3.2.3 y Genotyper v.3.7. Para evaluar la variabilidad genética, se calcularon: número medio de alelos (Na), la heterocigosis observada y esperada (He, Ho), el contenido de información polimórfica (PIC) y las desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg. Para calcular las heterocigosis observada y esperada (He, Ho) y el FIS (Wright, 1965; Weir and Cockerham, 1984) se utilizó el programa Genetix v. 4.02 (Belkhir *et al.*, 2003). Para el cálculo de las desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg (HW) se utilizó el programa Genepop v.3.1c (Raymond and Rousset, 1995) mediante la aplicación del test exacto de Fisher usando el método en cadena de Monte Carlo Markov, (Guo and Thompson, 1992). Para el cálculo del Contenido de Información Polimórfica (PIC) de cada microsatélite se aplicó la fórmula propuesta por (Botstein *et al.*, 1980); para este caso se empleó el complemento The Excel Microsatellite Toolkit (Park, 2001), utilizando el programa MS EXCEL® 2003.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se encontró que la desviación de equilibrio de Hardy-Weinberg fue estadísticamente significativa ($p < 0,05$) para los loci TGLA122, HAUT27, HEL13, HEL9, ILSTS6, INRA63, TGLA227, BM1824, HAUT24, con

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE BOVINOS GUABALÁ MEDIANTE MICROSATÉLITES

lo que se estimaría que la raza Guabalá ha estado bajo fuerzas que han cambiado la frecuencia genotípica de esta población (Quiroz-Valiente, 2006). Es importante que exista equilibrio en la mayoría de los *loci* estudiados, dado que esta condición es prerrequisito para realizar evaluaciones posteriores, como el uso de modelos bayesianos (Pritchard *et al.*, 2000). El número medio de alelos fue de 5,63 y la media del PIC fue de 0,6044; el *locus* con mayor valor fue TGLA227 con 0,8559 y el menor valor se encontró en ETH225 con 0,1069. Cabe destacar que la mayoría de los marcadores empleados estuvieron en la categoría de altamente informativos, a excepción de SPS115, CRSM60 e INRA37 quienes mostraron valores medianamente informativos de 0,5031, 0,4916 y 0,4824 respectivamente. Los *loci* ETH10, INRA35 y ETH225 mostraron valores poco informativos de 0,2113, 0,2002 y 0,1069 respectivamente. Los valores de heterocigosis media esperada y observada fueron de 0,6458 y 0,6265 respectivamente. Se observó que el número medio de alelos, el valor de PIC, la heterocigosis media esperada y heterocigosis media observada, se encuentran dentro de los rangos descritos para algunas razas españolas (Martínez *et*

al., 2005; Martín-Burriel, 2007). Los valores de heterocigosis resultaron altos, lo que podría ser atribuido a un bajo nivel de endogamia (Arora and Bhatia, 2004) y una baja presión de selección (Armstrong *et al.*, 2006). El valor de Fis encontrado fue de 0,0504 lo que se podría interpretar como que se trata de una población con bajos niveles de endogamia.

CONCLUSIONES

El bovino criollo Guabalá presenta una alta variabilidad genética y bajos niveles de endogamia, por lo que podría ser objeto de conservación, estructuración y mejoramiento, en beneficio de los pequeños productores que actualmente la poseen. El estado debe realizar las regulaciones legales para proteger esta población y evitar su extinción. Se deben realizar estudios adicionales donde se relacione esta población con otras de Iberoamérica.

AGRADECIMIENTOS

A los productores, Don Roberto Castellón y Gilberto de la Guardia por suministrar el material genético de las poblaciones estudiadas.

BIBLIOGRAFÍA

- Archivo General de Indias. 1521. Envío de ganados de Jamaica a Panamá [Online]. Portal de Archivos Españoles. Sevilla. Panamá, 233. L.1. F.319V-320R. <http://pares.mcu.es>. Fecha acceso: 20 de agosto de 2007.
- Archivo General de Indias. 1532. Licencia a Diego de Almagro para pasar ganados a Túmbez [Online]. Portal de Archivos Españoles. Sevilla. Panamá, 234. L.5. F.34R. <http://pares.mcu.es>. Fecha acceso: 20 de agosto de 2007.
- Archivo General de Indias. 1536. Exención de almojarofazgo al ganado de Panamá [Online]. Portal de Archivos Españoles. Sevilla. Panamá, 235. L.6. F.66V-67R. <http://pares.mcu.es>. Fecha acceso: 20 de agosto de 2007.
- Armstrong, E., A. Postiglioni, A. Martinez, G. Rincon and J.L. Vega-Pla. 2006. Microsatellite analysis of a sample of Uruguayan Creole bulls (*Bos taurus*). *Gen. Mol. Biol.*, 29: 267-272.
- Arora, R. and S. Bhatia. 2004. Genetic structure of Muzzafarnagri sheep based on microsatellite analysis. *Small Ruminant Res.*, 54: 227-230.
- Belkhir, K., P. Borsa, L. Chikhi, N. Raufaste and F. Bonhomme. 2003. Genetix: 4.05 Logiciel sous Windows™ pour la génétique des populations. Université de Montpellier (ed.). Laboratoire Genoma Populations, Interactions, Adaptations. Montpellier, France.
- Botstein, D., R.I. White, M. Skolnich and R.W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *Am. J. Hum. Genet.*, 32: 324-331.
- Castro, G. 2006. El agua y la tierra en el país del tránsito. Panamá 1903-2003. En: Los tormentos

VILLALOBOS CORTÉS, MARTÍNEZ, VEGA-PLAY DELGADO

- de la materia. Aportes para una ecología política latinoamericana. Alimonda, H. Consejo Latinoamericano de Ciencias Sociales. CLACSO. Buenos Aires. p. 151-176.
- Cortés Ramos, A. 2002. Sociedad y naturaleza antes y después de la conquista y colonización de América Central. *InterCambio*, 1: 9-25.
- Guo, S.W. and E.A. Thompson. 1992. A Monte Carlo method for combined segregation and linkage analysis. *Am. J. Hum. Genet.*, 51: 1111-26.
- Martín-Burriel, I., C. Rodellar, J. Lestra, A. Sanz, C. Cons, R. Osta, M. Reta, S. De Arguello, A. Sanz and P. Zaragoza. 2007. Genetic diversity and relationship of endangered Spanish cattle breeds. *J. Hered.*, 98: 687-691.
- Martínez, A.M., J. Calderón, E. Camacho, C. Rico, J.L. Vega-Pla y J.V. Delgado. 2005. Caracterización genética de la raza bovina Mostrenca con microsatélites. *Arch. Zootec.*, 54: 357-361.
- Park, S.D.E. 2001. Trypanotolerance in West African cattle and the population genetic effects of selection [Ph.D. thesis]. University of Dublin. Dublin.
- Pritchard, J., M. Stephens and P. Donnelly. 2000. Inference of population structure from multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959.
- Quiroz-Valiente, J., A. Martínez, R. Ulloa y J. Vega-Pla. 2006. Caracterización genética de las poblaciones bovinas Criollas de México. En: VII Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos. Cochabamba, 12/5-7. Bolivia. p. 220-222.
- Quiroz, J., A. Martínez, J. Marques, J. Calderón y J. Vega-Pla. 2007. Relación genética de la vaca Marismeña con algunas razas andaluzas. *Arch. Zootec.*, 56 (Supl. 1): 449-454.
- Quiroz, V.J., M.A. Martínez, R.D. Martínez, E. Armstrong, J. Calderón y J.V. Delgado. 2004. Relaciones genéticas de la raza Mostrenca con otras razas bovinas IV Congreso Ibérico sobre Recursos Genéticos Animales. 15-17 de septiembre del 2004. Ponte de Lima. Portugal.
- Raymond, M. and F. Rousset. 1995. GENEPOP (v. 1.2): A population genetics software for exact test and ecumenicism. *J. Hered.*, 86: 248-249.
- Spencer, C.C., J.E. Neigel and P.L. Leberg. 2000. Experimental evaluation of the usefulness of microsatellite DNA for detecting demographic bottlenecks. *Mol. Ecol.*, 9: 1517-1528.
- Tewelde, A. 1997. Los Criollos bovinos y los sistemas de producción animal en los trópicos de América Latina. Simposium sobre Utilización de Razas y Tipos Bovinos Creados y Desarrollados en Latinoamérica y el Caribe. ALPA, XV Reunión. 24-28 de noviembre. Maracaibo. Venezuela.
- Weir, B.S. and C.C. Cockerham. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38: 1358-1370.
- Wright, S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19: 395-420.