

Estimación de las relaciones genéticas entre razas caprinas españolas y criollas utilizando microsatélites

P.J. Azor*, M. Valera**, J. Sarria***, J.P. Avilez****, J. Nahed*****, M. Delgado-Pertíñez**, J.M. Castel**

* Dpto. de Genética. Universidad de Córdoba. Edif. Mendel, Pl baja. Campus de Rabanales. Ctra. Madrid-Cádiz, (N-IV) km 396ª 14071 Córdoba. España.

** Dpto. de Ciencias Agroforestales (EUITA) Universidad de Sevilla. Ctra. de Utrera, km 1. 41013 Sevilla.

*** Facultad de Zootecnia. Universidad Nacional Agraria La Molina. Lima Perú.

**** Facultad de Recursos Naturales. Escuela Medicina Veterinaria. Universidad Católica de Temuco. Temuco. Chile.

***** División de Sistemas de Producción Alternativos, El Colegio de la Frontera Sur, Carretera panamericana y periférico sur s/n, 29290 San Cristóbal de Las Casas, Chiapas, México

E-mail: ge2azorp@uco.es

Resumen

Se han analizado genéticamente tres poblaciones caprinas Criollas de Perú, México y Chile utilizando marcadores de ADN de tipo microsatélite y se han comparado con las razas españolas Murciano-Granadina y Malagueña. Se ha encontrado un número medio de alelos por locus similar en todas las poblaciones (7,3) excepto la población Criolla Chilena que ha mostrado un valor de 5,1, siendo ésta la que ha presentado el valor inferior tanto de heterocigosidad observada (H_o) (0,53) como de esperada (H_e) (0,59), habiendo sido la Criolla Peruana la que ha presentado los mayores valores (0,70 y 0,71 respectivamente). Se ha encontrado un escaso nivel de diferenciación genética entre las poblaciones ($F_{ST} = 0,069$) siendo las diferencias encontradas debidas a los individuos como consecuencia al cruzamiento indiscriminado con otras razas. La población caprina Criolla de Perú es la que más se aproxima genéticamente a las 2 razas españolas analizadas, seguida de la Criolla Mexicana, por último la población criolla Chilena es la que presenta la mayor lejanía genética con el resto de poblaciones estudiadas.

Palabras clave: Caprino Criollo, Caracterización Genética, Microsatélites

Summary

Estimation of genetic relationships between Spanish and Creole goat breeds using microsatellite markers

We have analyzed three Creole goat populations from Peru, Mexico and Chile using microsatellite markers. We have also analyzed the genetic relationship between them and Murciano-Granadina and Malagueña Spanish goat breeds. The average number of alleles per locus was similar in all populations (7.3) except the Chilean Creole (5.1). This Creole goat population has presented the lowest value of observed (H_o) (0.53) and expected (H_e) heterozygosity (0.59). The Peruvian Creole has presented the highest values of H_o (0.70) and H_e (0.71). We have found a scarce level of genetic differentiation between goat populations ($F_{ST} = 0.069$) being more important the individual genetic differences due to crossbreed with several breeds.

The Peruvian Creole was closed to analyzed Spanish breeds, followed by Mexican Creole. Finally the Chilean Creole was the most distant to the others populations.

Key words: Creole Goat, Genetic Characterization, Microsatellite markers

Introducción

El ganado caprino se originó en la cuenca mediterránea y desde ahí se distribuyó por todo el territorio, existiendo animales de esta especie en prácticamente todo el mundo con excepción de las zonas polares y trópicos muy húmedos. Los países de mayor población de cabras son la India y China, que poseen numerosos rebaños de pequeño tamaño. Las cabras fueron introducidas en América por los españoles y portugueses alrededor del siglo XVI (Arbiza Aguirre, 1986; Schapiro y Barahona, 1997). Varios siglos de cría descontrolada y de selección natural han dado lugar a un tipo no bien caracterizado de ganado caprino conocido como Criollo. En términos generales el caprino criollo es policrómico y polimórfico variando según las regiones. Es un animal rústico que se adapta a una gran variedad de ambientes con condiciones climáticas extremas (Deza et al., 2003). Su productividad puede estar limitada por razones nutricionales y de manejo (Barioglio et al., 1997) y en algunas zonas y ganaderías también por razones genéticas (FAO, 1987).

En el caso de Perú la población de ganado caprino global está alrededor de 1.950.000 animales. La raza caprina predominante en el país es la Criolla, sin embargo en los últimos años se han introducido diferentes razas de aptitud carnífera y de doble aptitud como la Anglo Nubiana que han servido para mejorar la productividad del caprino criollo. El caprino Criollo es rústico, se adapta a una amplia gama de ambientes pero es de bajo nivel productivo.

México es el primer productor de caprino de América Latina con más de 9 millones de cabezas, seguido de Brasil. Se estima que aproximadamente 150.000 productores a nivel nacional dependen total o parcialmente de esta especie. El fenotipo predominante en la zona es el criollo que proviene del

cruzamiento de los animales criollos con las razas Anglo-Nubiana y Alpina (Medrano, 2000).

En Chile, el 80% de los caprinos corresponde a animales criollos provenientes de cruces con cabras originarias de España y otras cabras de origen europeo. Esta situación hace que exista una gran variabilidad, incluso en animales de un mismo rebaño. En general, se trata de animales de varios colores de capas y con producciones muy variables de carne y leche. Entre las razas o tipos de cabras que pueden encontrarse en Chile, destacan la Criolla, con alrededor del 80% del censo.

En el presente trabajo analizamos el nivel de variabilidad genética y las relaciones genéticas existentes de las principales razas caprinas españolas de producción de leche, Murciano Granadina y Malagueña, con las poblaciones criollas de Perú, México y Chile utilizando marcadores de ADN de tipo microsatélite.

Material y métodos

Se han obtenido muestras de sangre mediante punción de la vena yugular a 25 animales de la raza caprina Murciano Granadina y a 25 de la raza Malagueña. Se han obtenido muestras de pelo de 18 animales de una población criolla de Perú, de 16 animales de una población criolla de México y 15 de otra de Chile. El ADN se extrajo a partir de sangre utilizando el método propuesto por Miller et al. (1988) utilizando proteinasa K para la digestión. En el caso de las muestras de pelo se utilizó además fenol-cloroformo. Se han amplificado 10 microsatélites de ADN (tabla 1) mediante PCR en un termociclador en los 99 animales muestreados. Los fragmentos amplificados fueron analizados en un secuenciador automático capilar ABI

Tabla 1. Microsatélites analizados, heterocigosidad observada (H_o) y Contenido de Información Polimórfica (PIC) por microsatélite
 Table 1. Microsatellite markers analyzed, observed heterozygosity (H_o) and Polomorphic Cnformation Content (PIC) in each microsatellite

Locus	H_o	PIC
BMS356	0,767	0,728
BMS975	0,685	0,655
HMH1R	0,814	0,791
ILSTS011	0,728	0,689
INRA026	0,879	0,867
MCM527	0,798	0,773
TGLA53	0,611	0,584
CSRM60	0,766	0,735
ETH225	0,228	0,216
CSSRM66	0,893	0,884

3130 (Applied Biosystems). Los alelos fueron tipificados con el software *GeneMapper* v3.7. El análisis estadístico de los datos se ha realizado utilizando el programa informático *Molkin 3.0* (Gutiérrez et al., 2005) y *Genetix 4.05* (Belkhir et al., 2001). Los estadísticos F de Wright (1965) fueron calculados según la metodología propuesta por Weir y Cockerham (1984). Se ha calculado la distancia genética de Reynolds (Reynolds et al., 1983) entre las 5 razas analizadas y se ha representado la matriz de distancias con el paquete informático *Phylip 3.65* utilizando el algoritmo UPGMA.

Resultados y discusión

Los valores de heterocigosidad de cada uno de los marcadores analizados en las 5 poblaciones caprinas se muestran en la tabla 1. Todos han sido polimórficos a pesar del bajo valor de heterocigosidad mostrado por el microsatélite ETH225. El marcador CSSRM66 ha sido el que ha manifestado los mayores valo-

res de heterocigosidad (89%) y de Contenido de Información Polimórfico (PIC) (0,88) (tabla 1).

Todas las poblaciones caprinas estudiadas han mostrado un número medio de alelos por locus similar (7,3) excepto la población Criolla Chilena que ha mostrado un valor de 5,1 (tabla 2). De la misma forma ha sido la población caprina Criolla de Chile la que ha presentado el valor inferior tanto de H_o (0,53) como de H_e (0,59), siendo la Criolla Peruana la que ha presentado los mayores valores (0,70 y 0,71 respectivamente).

Al estudiar la variabilidad genética dentro y entre poblaciones mediante los estadísticos F de Wright hemos obtenido un valor para el parámetro F_{IS} de 0,087 (tabla 3). Este valor nos indica el nivel de variabilidad existente dentro de razas. Cuando este valor se aproxima a 1 estaríamos ante una población consanguínea. Este valor ha oscilado entre 0,004 de la población criolla Peruana y 0,137 de la Criolla Mexicana (tabla 2). El valor del parámetro F_{IT} ha sido de 0,112 indicativo del nivel de variabilidad en las 5 poblaciones en conjunto. El coeficiente de diferenciación genética ha

Tabla 2. Número medio de alelos por locus (N_a), heterocigosidad observada (H_o) y esperada (H_e) y valores de F_{IS} en cada una de las poblaciones analizadas
 Table 2. Average number of allele per locus (N_a), observed (H_o) and expected heterozygosity (H_e) and F_{IS} values in each analyzed breed

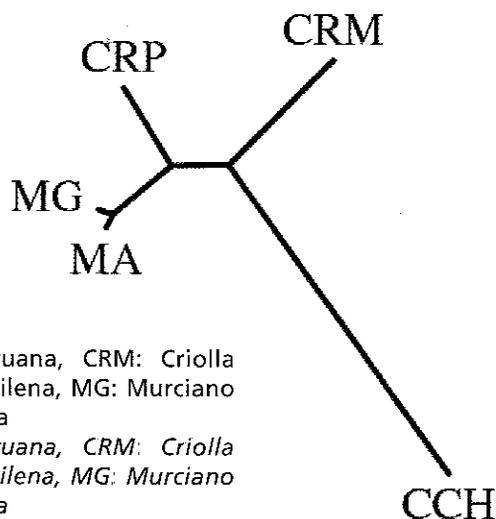
	n	N_a	H_o	H_e	F_{IS}
Criolla Peruana	18	7,3000	0,7076	0,7133	0,004
Criolla Mejicana	16	7,2000	0,5904	0,6828	0,137
Criolla Chilena	15	5,1000	0,5382	0,5935	0,076
Malagueña	25	7,4000	0,6452	0,6946	0,070
Murciano-Granadina	25	7,3000	0,6812	0,7065	0,034

Tabla 3. Estadísticos F de Wright entre las 5 razas caprinas analizadas
 Table 3. Wright F-statistic in five goat populations analyzed

Entre poblaciones	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
Estadísticos F	0,0879	0,1124	0,0269
Intervalo de confianza al 95%	-0,0121-0,1871	0,0220-0,2085	0,0114-0,0489

sido del 0,0269, lo que indica que el 2,7 % de la variabilidad genética total se debe a diferencias entre las poblaciones, el resto es debida a diferencias entre individuos. Este bajo nivel de diferenciación genética existente entre las poblaciones es debido a la gran variabilidad existente tanto fenotípica como genética en las poblaciones criollas debido al cruzamiento indiscriminado con otras razas sin unos objetivos bien definidos de selección (Medrano, 2000; Deza et al., 2003).

Al representar gráficamente las distancias genéticas en un árbol (figura 1) observamos la mayor proximidad genética entre las razas españolas (Murciano-Granadina y Malagueña). La población caprina Criolla de Perú es la que más se aproxima genéticamente a las 2 razas españolas analizadas, seguida de la Criolla Mexicana, por último la población criolla Chilena es la que presenta la mayor lejanía genética con el resto de poblaciones estudiadas.



Donde: CRP: Criolla Peruana, CRM: Criolla Mexicana, CCH: Criolla Chilena, MG: Murciano Granadina, MA: Malagueña

Where: CRP: Criolla Peruana, CRM: Criolla Mexicana, CCH: Criolla Chilena, MG: Murciano Granadina, MA: Malagueña

Figura 1. Árbol filogenético representado con el método UPGMA a partir de la matriz de distancias de Reynolds.

Figure 1. Phylogenetic tree represented using UPGMA method based in Reynolds genetic distance.

Bibliografía

- Arbiza Aguirre SI, 1986. Producción de caprinos. AGT. EDITOR S.A. México, 695 pp.
- Barioglio C, Deza C, Arias M, Varela L, Bonardi C, Villar M, 1997. Evaluación de algunos parámetros reproductivos en cabras regionales. *Agriscientia*, XIV, 37-42.
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F, 2001. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France.
- Deza C, Bascur I, Pérez G, Díaz MP, Barioglio CF, 2003. Identificación de variables morfoestructurales y de polimorfismos sanguíneos para la caracterización de cabras criollas en el NO de Córdoba, Argentina. *Agriscientia*, XX, 69-77.
- FAO, 1987. Oficina Regional para América Latina y el Caribe. Tecnología de la Producción Caprina. Santiago. Chile. Series Técnicas. 240 pp.
- Gutiérrez JP, Royo LJ, Álvarez I, Goyache F, 2005. MolKin: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *J. Hered.*, 96, 718-721.
- Medrano JA, 2000. Recursos animales locales del centro de México. *Arch. Zootec.* 49: 385-390.
- Miller SA, Dykes DD, Polesky HF, 1988. A simple salting out procedure for extracting DNA from human nucleated cells. *Nucleic Acids Res.*, 16, 1215.
- Reynolds J, Weir BS, Cockerham CC, 1983. Estimation on the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105, 767-779.
- Schapiro A, Barahona M, 1997. Lechería caprina nacional. Información Básica. Secretaría de Agricultura, Ganadería y Pesca de la Nación Argentina.
- Weir BS, Cockerham CC, 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38, 1358-70.
- Wright S, 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution*, 19, 395-420.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)