

RELACIÓN GENÉTICA DE LA RAZA OVINA DE CHIAPAS CON ALGUNAS RAZAS OVINAS ESPAÑOLAS

GENETIC RELATIONSHIP OF THE CHIAPAS SHEEP BREED WITH SOME SPANISH BREEDS

Quiroz, J.*¹, A. Martínez², V. Landi³, L. Zaragoza Martínez⁴, R. Perezgrovas Garza⁴
y J.L. Vega Pla⁵

¹Campo Experimental Huimanguillo. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Km 1. Carr. Huimanguillo-Cárdenas. Huimanguillo. Tabasco. México. *Autor para correspondencia: jquiros@141.com

²Departamento de Genética. Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales. 14014 Córdoba. España. E-mail: ib2mamaa@uco.es

³Departamento de Genética. Universidad de Perugia. Italia.

⁴Instituto de estudios Indígenas. Universidad Autónoma de Chiapas (El-UNACH). Centro Universitario Campus III. San Cristóbal de las Casas. 29264 Chiapas. México. E-mail: rgrovas@unach.mx

⁵Laboratorio de Genética Molecular. Servicio de Cría Caballar. Carretera Madrid-Cádiz, km 397. 14071 Córdoba. España. E-mail: jvegpla@oc.mde.es

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Microsatélites. Animales. Criollos. Asignación individual.

ADDITIONAL KEYWORDS

Microsatellites. Creole animals. Individual assignment.

RESUMEN

En el sureste de México existen ovinos que descienden de los ovinos españoles introducidos en el siglo XVI. El objetivo fue caracterizar las poblaciones ovinas de Chiapas y analizar las distancias genéticas con algunas poblaciones ovinas españolas. Se emplearon 27 microsatélites ampliamente utilizados en estudios de biodiversidad. Las ovejas de las Islas Canarias fueron las más distantes genéticamente de las de México. Se utilizó un algoritmo que infiere una mezcla de los genotipos de la población, es decir, que alguno de los ancestros pertenece a otra población. El número de poblaciones inferidas (K) fue de 2 a 7 y el número total iteraciones fue de 800000. Cuando K=2 el programa asignó en un cluster las razas Palmera y Canaria y en el otro todas las demás. Cuando K=3 se agruparon las

chiapanecas, la Palmera sola y la Merino, Sopravissana y Canaria. Con K=4 se agruparon las chiapanecas en un cluster, la Merino y Sopravissana en otro y la Palmera y Canaria independientes. Con el valor de K=5, las de Chiapas se agruparon en uno y las otras cada una independiente. Con K=6 se mantuvieron unidas Chamula y Café y con K=7 el programa asignó a las razas Chiapas, Chamula y a la Café en clusters independientes, aunque se percibe una fuerte influencia de la Chamula en la Café. La Palmera quedó parcialmente dividida ente dos clusters, indicando que puede haber individuos genéticamente diferentes dentro de esta población. El Borrego Chiapas posee una gran individualidad y diversidad genéticas.

Arch. Zootec. 56 (Sup. 1): 441-447. 2007.

SUMMARY

In the Southeastern part of Mexico, there are ovines descendent from Spanish ovines that were introduced in XVI century. The objective was to characterize ovine populations from Chiapas and the genetic distances with some Spanish breeds. 27 widely used microsatellites in biodiversity studies were employed in this research work. Ovines from Canary Islands were the more genetically distant from Mexicans. An algorithm inferring such admixture of genotypes of the population was used (one of de ancestors belongs to a different population).

The number of inferred populations (K) was from 2 to 7 and the total number of iterations was 800000. When K=3, breeds from Chiapas were grouped, Palmera in another group and Merino, Sopravissana and Canaria in the third group. With K= 4. The breeds from Chiapas were once more grouped in a cluster, Merino and Sopravissana in a second group, Palmera and Canaria, were two independent clusters. For K=5. The breeds from Chiapas were grouped, and independent groups for the rest of breeds. With K=6 Chamula and Café remained together and with K=7 the program assigned to the breeds Chiapas, Chamula and Café in different clusters, but a remarkable influence from Chamula into Café is appreciated. The Palmera was partially divided in two clusters, showing that could exist individuals genetically different inside this population. The Borrego Chiapas has a vast individuality and genetic diversity.

INTRODUCCIÓN

La preservación de razas locales es ahora una prioridad en las políticas de los programas de biodiversidad. En México, en los últimos años se ha incrementado de manera drástica el número de explotaciones ganaderas manejadas en forma intensiva, con la

consecuente disminución del número de animales criollos, provocando el riesgo de desaparición de algunos recursos genéticos animales (Perezgrovas, 2003; Russell, *et al.*, 2000). En el sur de México, diversos grupos indígenas de origen Maya, entre los que destacan los Tzotziles, tienen en la cría de ovinos una de sus principales estrategias de subsistencia. El ganado ovino fue introducido en América por los españoles en la primera mitad del siglo XVI. Tras la amalgama con las tradiciones y creencias religiosas Mayas, los Tzotziles consideran a las ovejas como *almas compañeras* y está prohibido sacrificarlas, de manera que la lana es el principal objetivo de su cría. La lana es transformada manualmente en lienzos y prendas de vestir que protegen a los indígenas del frío y les proporcionan elementos de identidad étnica. Así, borregos y lana representan un aporte importante a la economía familiar y a la identidad cultural del grupo Tzotzil.

La caracterización del ganado lanar de Chiapas se inició en 1983, a la que siguió el estudio sistemático de los esquemas tradicionales de manejo entre pastoras tzotziles (Perezgrovas, 2003). El borrego Chiapas se ha caracterizado fenotípicamente, en un inicio clasificándose en tres variedades de acuerdo al color de la capa: café (Café), negro (Chamula) y blanco (Chiapas), con diferencias significativas en la calidad de lana y crecimiento de la fibra por unidad de superficie (Perezgrovas y Castro, 1998). Esta raza se cría en pureza por el aislamiento geográfico debido a lo inaccesible de la zona, haciendo muy difícil la adaptación de otras razas.

Por otra parte, históricamente los

RELACIÓN GENÉTICA DE LOS OVINOS DE CHIAPAS

ovinos de Chiapas provienen de razas españolas que fueron introducidas en el siglo XVI y se encontró que hay parecido fenotípico con las razas Churra, Lacha, Castellana, Manchega y Canaria. La variedad blanca del Borrego Chiapas con la Churra, la Café con la Lacha y la Chamula con una mezcla de Castellana, Manchega y Canaria (Perezgrovas, 1998). Por otra parte, en su origen, podría haber influencia de otras razas españolas, inglesas o francesas, como la hay en las razas ovinas de Brasil (Paiva *et al.*, 2005).

Los microsatélites han probado ser una herramienta exitosa en la diferenciación genética entre poblaciones, por lo tanto, pueden ayudar a despejar algunas incógnitas que permitirán establecer las diferencias entre las variedades de los ovinos de Chiapas y otras poblaciones. Los estudios de distancias genéticas tienen como principal objetivo ayudar en la toma de decisiones en la conservación de los recursos genéticos (Ruane, 1999).

El objetivo de este trabajo fue caracterizar genéticamente el Borrego Chiapas y estudiar el grado de diferenciación genética entre las tres variedades existentes con marcadores microsatélites, así como también establecer las distancias genéticas entre el borrego Chiapas y algunas poblaciones ovinas españolas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se colectaron muestras de lana de 41, 42 y 45 ovinos de las variedades Chiapas, Chamula y Café del borrego Chiapas, pertenecientes a la Universi-

dad Autónoma de Chiapas, la cual posee un rebaño núcleo que acopió animales de las comunidades indígenas de Chiapas. También se utilizaron 47 ovinos de la raza Palmera, 44 de Merino, 40 de oveja Canaria y 44 de Sopravissana; esta última procede de una cruce de Merino Rambouillet y la raza extinta Vissana. Se consideró también esta raza italiana, por ser descendiente del Merino, con lo cual se podría comparar la semejanza genética de alguna raza merinizada y ver la posible influencia de ésta en el origen del borrego Chiapas.

La extracción de ADN se realizó siguiendo el protocolo de Kawasaki (1990) Se amplificó un panel de 27 microsatélites mediante la metodología de Martínez *et al.* (2000). Los fragmentos amplificados se separaron mediante electroforesis en un secuenciador automático ABI377XL (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA). El análisis de los fragmentos y la tipificación de los alelos se realizó mediante los programas informáticos Genescan Analysis[®] 3.1.2 y Genotyper[®] 2.5.2, respectivamente.

Se calcularon las frecuencias alélicas, heterocigosidad y Fis mediante el programa informático Genetix versión 4.05 (Belkhir, *et al.*, 2003). Se realizó una prueba de equilibrio Hardy Weinberg según Guo and Thompson (1992) con el programa informático GENEPOP versión 3.1c (Raymond y Rousset, 1995). Se realizó un análisis de asignación de los individuos a su población con el programa Structure version 2.0 (Pritchard, *et al.*, 2000). Este método permite realizar inferencias sobre la estructura poblacional a partir de genotipos de una batería de

loci, así como determinar la probabilidad con que un individuo pertenece a cierta población. Se usó un algoritmo que infiere que las poblaciones están mezcladas. El valor del parámetro K empleado en el análisis varió de 2 a 9 y el número total de iteraciones fue de 800000.

RESULTADOS Y DISCUSION

En la **tabla I** se muestran los principales estadísticos de caracterización genética. Se aprecia que dentro de las poblaciones de Chiapas, la café es la que tiene mayor número de alelos y mayor heterocigosidad. Esto podría indicar que es una población con influencia de otras razas. El valor de Fis en esta población (diferente de 0), también indica que podría estar estructurada. Por otra parte, la raza Palmera presenta el menor número medio de alelos y el valor de heterocigosidad esperada más bajo, lo que indica que su diversidad genética podría estar limitada por el aislamiento.

En la **figura 1** se presenta una estimación de la estructura de la población. Cada individuo está representado por una delgada línea vertical, la cual se divide en K segmentos coloreados que representan la fracción de cada individuo perteneciente a cada uno de los clusters. Cuando K=2 el programa asignó en un cluster a las razas Palmera y Canaria y en el otro todas las demás indicando que la mayor diferencia se detecta entre estos dos grupos, como corresponde a su fenotipo (Álvarez *et al.*, 2000). Cuando K=3 se agruparon las chiapanecas, la Palmera sola y la Merino, Sopravissana y Canaria. Con K=4 se agruparon las chiapanecas en un cluster, la Merino y Sopravissana en otro y la Palmera y Canaria independientes. Con el valor de K=5, las de Chiapas se agruparon en uno y las otras cada una independiente. Con K=6 se mantuvieron unidas Chamula y Café y con K=7 el programa asignó a las razas Chiapas, Chamula y a la Café en clusters independientes, aunque se percibe una fuerte influencia de la Chamula en la Café.

Tabla I. Tamaño muestral, número medio de alelos, heterocigosidad esperada (*Hexp*) y observada (*Hobs*) y valores de Fis (intervalos de confianza a 95%) para las poblaciones estudiadas. (Samples number, average allele number, expected (*Hexp*) and observed (*Hobs*) heterozygosity and Fis values (intervals of confidence to 95%) for the studied populations).

Población	N	Número de alelos	Hexp	Hobs	Fis
Chiapas	41	6,1	0,624	0,606	0,042 (-0,005 – 0,059)
Chamula	42	6,9	0,699	0,690	0,026 (-0,021 – 0,045)
Café	45	7,8	0,712	0,666	0,076 (0,033 – 0,096)
Palmera	47	5,6	0,612	0,563	0,091 (0,038 – 0,143)
Canaria	40	7,9	0,718	0,686	0,058 (-0,004 – 0,076)
Merino	44	6,7	0,661	0,620	0,074 (0,016 – 0,106)
Sopravissana	44	8,5	0,727	0,703	0,045 (0,004 – 0,060)

RELACIÓN GENÉTICA DE LOS OVINOS DE CHIAPAS

La Palmera quedó parcialmente dividida ente dos Clusters, indicando que puede haber individuos genéticamente diferentes dentro de esta población. Cuando la diferenciación entre poblaciones es pequeña el programa no detecta una estructura clara de la población y como en estudios realizados en humanos, la mayor distancia genética corresponde más con la distancia geográfica (Rosenberg *et al.*, 2003).

En cuanto a la asignación, se presenta en la **tabla II** para un valor de $K=9$. El programa asignó a las razas Chiapas, Chamula y a la Café en clusters independientes, aunque se percibe una

fuerte influencia de la Chamula en la Café. La Palmera quedó parcialmente dividida ente los Clusters 1 y 4, indicando que puede haber individuos con diferentes orígenes dentro de esta población.

La influencia de las razas Canarias en la formación de las razas Criollas no se discute en el presente trabajo, aunque se realiza una comparativa con ovejas canarias actuales que a su vez han sufrido un proceso de selección y deriva génica a través de los siglos, muy distinto al del borrego Chiapas, por lo que las diferencias genéticas entre ambas poblaciones son considerables. El caso de

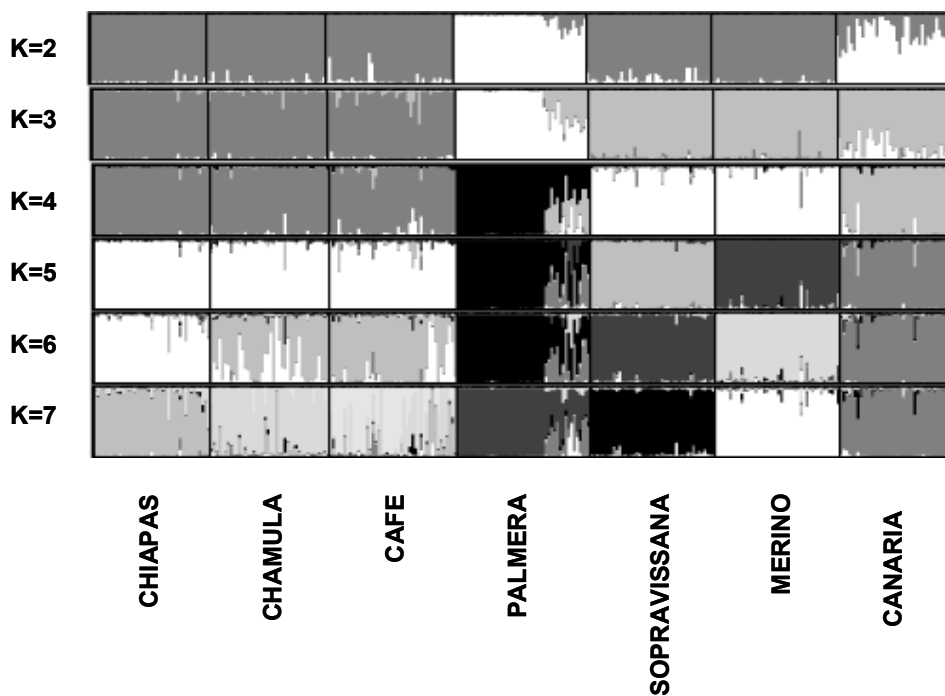


Figura 1. Estimación de la estructura de la población con el algoritmo de Pritchard et al. (2000) con diferentes valores de K . (Estimation of the structure of the population with Pritchard et al. (2000) software using different K values).

Tabla II. Proporción de animales de cada población predefinida en los 7 clusters. (Proportion of animals for each predefined population on the 7 clusters).

Raza	Cluster						
	1	2	3	4	5	6	7
Chiapas	0,027	0,012	0,884	0,007	0,009	0,008	0,053
Chamula	0,046	0,011	0,091	0,006	0,015	0,010	0,821
Café	0,539	0,023	0,133	0,012	0,018	0,015	0,260
Palmera	0,007	0,104	0,006	0,820	0,020	0,028	0,015
Sopravissana	0,009	0,016	0,011	0,005	0,932	0,016	0,011
Merino	0,011	0,014	0,010	0,009	0,016	0,930	0,010
Canaria	0,011	0,916	0,006	0,013	0,033	0,012	0,010

la oveja Merina es similar sin duda tuvo que tener alguna influencia sobre las variedades Chamula y Café, aunque recientemente no ha intervenido en la población a diferencia de los que ocurre en la raza Sopravissana.

El Borrego Chiapas posee una gran

individualidad y diversidad genéticas. Está estructurado genéticamente en tres poblaciones claramente diferenciadas (Chiapas, Chamula y Café) que incluso pueden tener consideración de razas autóctonas de México, susceptibles de ser conservadas y protegidas.

BIBLIOGRAFÍA

- Álvarez, S., M. Fresno, J. Capote J.V. Delgado y C. Barba. 2000. Estudio para la caracterización de la raza ovina Canaria. *Arch. Zootec.*, 49: 209-215.
- Belkhir, K., P. Borsa, L. Chikhi, N. Raufaste and F. Bonhomme. 2003. Genetix: 4.05 Logiciel sous Windows™ pour la genetique des populations. Laboratoire Genoma Populations, Interactions, Adaptations. Montpellier. France.
- Guo, S.W. and E.A. Thompson. 1992. A Monte Carlo method for combined segregation and linkage analysis. *Am. J. Hum. Genet.*, 51: 1111-1126.
- Kawasaki, E. 1990. Sample preparation from blood, cells and other fluids. In: PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications. M.A. Innis et al. (eds.). Academic Press, New York. pp: 146-149.
- Martínez, A.M., J.V. Delgado, A. Rodero and J.L. Vega Pla. 2000. Genetic structure of Iberian pig breed using microsatellites. *Anim. Genet.*, 31: 295-301.
- Paiva, S.R., D.A. Faria, V.C. Silvério, C. McManus, A.A. Egito, J.A. Dergam, S.E.F. Guimarães, S.R. Castro, M.S.M. Albuquerque and A.S. Mariante. 2005. Phylogenetic relationships among brazilian sheep breeds. In: The role of biotechnology. Villa Gualino, Turin, Italy. 5-7 March, 2005. p: 197-198.
- Perezgrovas, G.R. 1998. Comparación de recursos genéticos: el Borrego Chiapas (México) y las razas autóctonas de origen español. *Arch. Zootec.*, 47: 425-430.
- Perezgrovas, R. y G.H. Castro. 1998. Diferente composición fenotípica en las tres

RELACIÓN GENÉTICA DE LOS OVINOS DE CHIAPAS

- variedades del borrego Chiapas. *Arch. Zootec.*, 47: 201-205.
- Perezgrovas, R. 2003. El borrego Chiapas criollo: Una historia de vellones, mercados mundiales y mujeres de polleras de lana. *Biodiversidad*, 37: 19-21.
- Pritchard, J.K., M. Stephens and P. Donnelly. 2000. Inference of population structure from multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959.
- Raymond, M. and F. Rousset. 1995. GENEPOP (version 1.2: A population genetics software for exact test and ecumenicism. *J. Hered.*, 86: 248-249.
- Rosenberg, N.A., J.K. Pritchard, J.L. Weber, H.M. Cann, K.K. Kidd, L.A. Zhivotovsky and M.W. Feldman. 2003. Genetic structure of human populations. *Science*, 298: 2381-2385.
- Ruane, J. 1999. A critical review of the value of genetic distance studies in conservation of animal genetic resources. *J. Anim. Breed. Genet.*, 116: 317-323.
- Russell, N.D., J. Rios, G. Erosa, M.D. Remmenga and D.E. Hawkins. 2000. Genetic differentiation among geographically isolated populations of Criollo cattle and their divergence from other *Bos taurus* breeds. *J Anim Sci.*, 78: 2314-2322.