

# CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA POBLACIÓN DE CABRAS AUTÓCTONAS DE LA REGIÓN APURÍMAC DE PERÚ

## GENETIC CHARACTERIZATION OF NATIVE GOAT POPULATIONS OF THE REGION APURÍMAC FROM PERÚ

Gómez, N.C.<sup>1,2,3\*</sup>, A. Ferrando<sup>1</sup> y J. Jordana<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Unitat de Ciència Animal, Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193-Bellaterra, Barcelona, España.

<sup>2</sup>Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Av. Arenas 121, Abancay, Perú.

<sup>3</sup>Becario Internacional de la Fundación Ford. \*gomezurviola@hotmail.com

### Abstract

Raising goats, in the region Apurimac from Peru, is an important source of food and income for many families. For this reason a study was conducted to characterize the genetic diversity of the local goat population. Genetic diversity was evaluated in 62 native goats from both sexes, grouped into four subpopulations: Abancay, Andahuaylas, Chincheros and Grau by means of 13 microsatellite markers. Genetic diversity of the loci was high, with an average expected heterozygosity of 0.73 and a mean number of alleles per *locus* of 8.23. The four subpopulations showed similar levels of genetic diversity (not significant differences). The estimated  $F_{ST}$  was 0.014, suggesting that genetic differentiation between subpopulations is small (1.4%).

### Palabras clave:

Microsatélite  
Criolla

### Keywords:

Microsatellite  
Creole

### Resumen

La crianza de ganado caprino, en la región Apurímac de Perú, representa una importante fuente de alimentos e ingresos para muchas familias. Por esta razón, se llevó a cabo un estudio para realizar la caracterización genética de la población caprina local. La diversidad genética fue evaluada a partir de una muestra de 62 animales, de ambos sexos, procedentes de cuatro subpoblaciones: Abancay, Andahuaylas, Chincheros y Grau, mediante el análisis genético de 13 marcadores de tipo microsatélite. La diversidad genética fue alta, con una media de heterocigosis esperada de 0,73 y un número medio de alelos por *locus* de 8,23. Las cuatro subpoblaciones mostraron niveles similares de diversidad genética (diferencias no significativas), y la  $F_{ST}$  estimada entre ellas fue de 0,014, lo que sugiere que, con los marcadores genéticos utilizados, la proporción de la variabilidad genética explicada por las diferencias entre subpoblaciones es pequeña (1,4%).

### Introducción

La cabra se domesticó tempranamente, hace unos 10.000 años a.C. (Zeder & Hesse, 2000; Sañudo, 2008). Según Laguna Sanz (1991), los primeros caprinos introducidos en Perú provenían de España, concretamente de las razas Blanca Celtibérica y Castellana de Extremadura, razas que los cronistas denominaron como Granada, Murcia y Málaga. Estas mismas, después de numerosas generaciones de adaptación al medio peruano, han dado lugar al caprino denominado "Criollo", que representa aproximadamente un 80% del censo nacional (Arroyo, 1998). La crianza de ganado caprino en la región Apurímac representa una actividad económica principal, siendo una importante fuente de alimentos e ingresos para numerosas familias que se dedican a ella. Por todo ello, se llevó a cabo el presente estudio con el objetivo de caracterizar genéticamente a la cabra apurimeña para inferir sus niveles de variabilidad genética, determinar su posible estructuración poblacional y las relaciones genéticas entre las subpoblaciones caprinas existentes.

### Material y métodos

Se utilizaron muestras de pelo de 62 animales muestreados aleatoriamente, procedentes de cuatro subpoblaciones de la región Apurímac: Abancay (23), Andahuaylas (21), Chincheros (10) y Grau (8). El ADN de las muestras fue extraído y purificado mediante el Kit DNeasy Blood & Tissue (QIAGEN) de acuerdo a las indicaciones del fabricante. Se amplificaron 13 marcadores microsatélites (Tabla I, Jordana *et al.*, 2007) mediante la técnica de PCR, seguida de una electroforesis por capilares en un secuenciador automático ABI 3730 (Applied Biosystems) y la asignación del tamaño de los alelos mediante el programa GeneMapper v3.7

(Applied Biosystems). Se calcularon las frecuencias alélicas y las heterocigosis con el programa informático GENETIX v. 4.05 (Belkhir *et al.*, 1996-2004) y los valores de los estimadores de Weir y Cockerham (1984) de los F-estadísticos de Wright mediante el programa FSTAT v. 2.9.3.2 (Goudet, 2002). Se realizó una prueba de equilibrio de Hardy-Weinberg (HW) mediante el programa GENEPOP v. 3.1c (Raymond & Rousset, 1996). Adicionalmente, se calculó el Contenido de Información Polimórfica (PIC) de cada microsatélite mediante el programa CERVUS v. 3.0.3 (Kalinowski *et al.*, 2007). Con el paquete informático POPULATIONS v.1.2.30 (Langella, 2002-2010), se determinó la distancia genética ponderada de Reynolds (Reynolds *et al.*, 1983) entre las subpoblaciones y se aplicó el algoritmo UPGMA (Sneath & Sokal, 1973) para construir un árbol de distancias genéticas. La fiabilidad de dicha topología, o robustez de los nodos, se determinó mediante un procedimiento estadístico (*bootstrap*) basado en 1000 reemplazos sobre los *loci* (Felsenstein, 1985). Para obtener la representación gráfica de las distancias genéticas se empleó la aplicación informática TREEVIEW v. 1.6.6 (Page, 2001). Como población *outgroup*, se utilizaron 55 individuos de la raza caprina española Cabra Blanca de Rasquera (CBR).

## Resultados y discusión

Los 13 microsatélites empleados fueron polimórficos. El nivel de diversidad genética encontrado en la cabra apurimeña fue alto ( $H_e = 0,73$ ). Este valor está dentro del intervalo reportado para diferentes poblaciones de cabras nativas, que oscila desde 0,59 en razas suizas (Saitbekova *et al.*, 1999) a 0,82 en razas chinas (Qi *et al.*, 2009), y está próximo al valor de 0,70 indicado por Bruno de Sousa *et al.* (2011) para las cabras nativas portuguesas. Se detectaron un total de 107 alelos. El número medio de alelos por *locus* ( $N_a$ ) en la población global fue moderado (8,23), que es superior a los valores hallados en la cabra canaria Majorera ( $N_a = 6,95$ , Acosta *et al.*, 2005) e inferior a los valores hallados en las cabras nativas de China ( $N_a = 12$ , Li *et al.*, 2002). Según los resultados, la población caprina apurimeña presenta una desviación del equilibrio de Hardy-Weinberg, con un  $F_{IS}$  igual a 0,106 (déficit significativo de heterocigotos) (Tabla I).

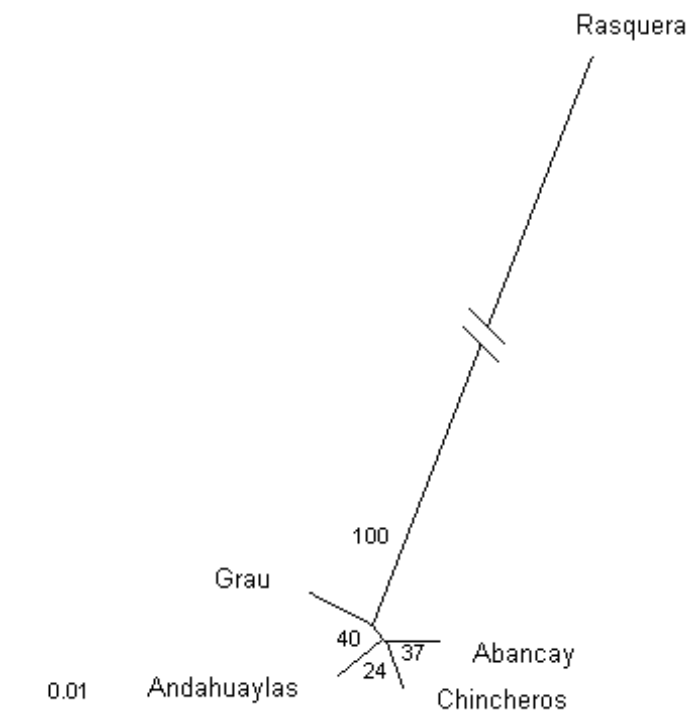
**Tabla I.** *Loci* analizados, tamaño muestral (N), número de alelos por *locus* ( $N_a$ ), Contenido de Información Polimórfica (PIC), heterocigosis observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ), valores de  $F_{IS}$  y el valor de probabilidad obtenido en la prueba de equilibrio Hardy-Weinberg (P-value) de cada uno de ellos [*Loci analysed, sample size (N), number of alleles per locus (Na), Polymorphic Information Content (PIC), observed heterozygosity (Ho), expected heterozygosity (He), inbreeding coefficient  $F_{IS}$  and probability value obtained for Hardy-Weinberg equilibrium (P-value)*]

| Locus    | Rango   | N  | $N_a$ | PIC   | $H_o$ | $H_e$ | $F_{IS}$ | P-value |     |
|----------|---------|----|-------|-------|-------|-------|----------|---------|-----|
| HSC      | 269-299 | 61 | 12    | 0,813 | 0,689 | 0,831 | 0,180    | 0,010   | **  |
| INRA49   | 137-151 | 61 | 5     | 0,458 | 0,393 | 0,506 | 0,230    | 0,005   | **  |
| MAF65    | 106-136 | 61 | 11    | 0,817 | 0,836 | 0,835 | 0,007    | 0,393   | ns  |
| MAF214   | 235-325 | 62 | 12    | 0,728 | 0,694 | 0,760 | 0,096    | 0,053   | ns  |
| MCM218   | 146-186 | 60 | 13    | 0,846 | 0,783 | 0,860 | 0,098    | 0,054   | ns  |
| MCM527   | 152-168 | 62 | 5     | 0,564 | 0,500 | 0,602 | 0,177    | 0,018   | *   |
| OARAE119 | 173-183 | 62 | 5     | 0,629 | 0,645 | 0,673 | 0,050    | 0,301   | ns  |
| OARCP34  | 108-128 | 61 | 6     | 0,677 | 0,623 | 0,709 | 0,130    | 0,009   | **  |
| OARFCB11 | 132-152 | 61 | 6     | 0,763 | 0,787 | 0,794 | 0,017    | 0,079   | ns  |
| SRCRSP05 | 159-179 | 61 | 8     | 0,779 | 0,656 | 0,805 | 0,194    | 0,006   | **  |
| SRCRSP06 | 141-149 | 62 | 5     | 0,463 | 0,468 | 0,505 | 0,083    | 0,104   | ns  |
| SRCRSP08 | 220-240 | 62 | 6     | 0,700 | 0,710 | 0,740 | 0,049    | 0,021   | *   |
| SRCRSP23 | 77-107  | 62 | 13    | 0,846 | 0,774 | 0,86  | 0,107    | 0,055   | ns  |
| Promedio |         |    | 8,23  | 0,699 | 0,658 | 0,729 | 0,106    | 0,000   | *** |

ns (no significativo), \*  $P < 0,05$ , \*\*  $P < 0,01$ , \*\*\*  $P < 0,001$

Todas las subpoblaciones presentaron desviaciones significativas del equilibrio de Hardy-Weinberg, excepto la de Grau. Del análisis jerárquico de la cabra apurimeña, entre las cuatro subpoblaciones, se obtuvieron los siguientes valores para los F-estadísticos de Wright:  $F_{ST} = 0,014$  ( $p < 0,05$ ),  $F_{IS} = 0,096$  ( $p < 0,01$ ) y  $F_{IT} = 0,109$  ( $p < 0,01$ ). El dendrograma obtenido (Figura 1) permite visualizar que las distancias genéticas entre subpoblaciones son bajas, y cercanas al 1% ( $F_{ST} = 0,014$ ). Mucho más distante, lógicamente, está el grupo

externo representado por la raza caprina española Blanca de Rasquera, con más de un 12% de diferenciación genética.



**Figura 1.** Dendrograma obtenido utilizando la distancia genética ponderada de Reynolds y el método UPGMA. Se indican los valores de *bootstrap* así como la escala de distancia genética (*Dendrogram obtained using Reynold's weighted genetic distance and UPGMA method. Bootstrap values and the scale of genetic distance are shown*)

### Conclusiones

El presente estudio revela que la cabra criolla apurimeña muestra una variabilidad genética importante por los niveles de heterocigosis esperada encontrados, pero existe un moderado déficit de heterocigotos, como indica el valor de  $F_{IT}$  (0,106). Las cuatro subpoblaciones mostraron niveles similares de diversidad genética (diferencias no significativas) y una escasa diferenciación entre ellas (1,4%), lo que podría estar sugiriendo, con los marcadores utilizados y el tamaño muestral analizado, la existencia de una única estructura genética poblacional.

### Bibliografía

- Acosta J.M., Martínez A., Pestano J., Cabello A., Brown R.P., Sarah-Rey S. & Delgado J.V. (2005). Caracterización genética de la cabra Majorera de Fuerteventura con microsatélites. *Arch. Zootec.*, 54: 261-266.
- Arroyo, O. (1998). Producción de caprinos. Ediciones PROCABRA. Lima, Perú.
- Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N. & Bonhomme F. (1996-2004). 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.
- Bruno de Sousa C., Martínez A.M., Ginja C., Santos-Silva F., Carolino M.I., Delgado J.V. & Gama L.T. (2011). Genetic diversity and population structure in Portuguese goat breeds. *Livest. Sci.*, 135: 131–139.
- Felsenstein J. (1985). Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution*, 39:783-791.
- Goudet J. (2002). FSTAT version 2.9.3.2. Available from Jerome.goudet @ie.zea.unil.ch, via email. Institute of Ecology, UNIL, CH-1015, Lausanne, Switzerland.
- Jordana, J., Marmi, J., Carné, S. & Ferrando A. (2007). Caracterización genética del último reducto caprino autóctono de Catalunya: La Cabra Blanca de Rasquera. *Memorias del VIII Simposio Iberoamericano*

- sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos. Universidad Técnica de Quevedo. Ecuador.
- Kalinowski S.T., Taper M.L. & Marshall T.C. (2007). Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 16: 1099-1106.
- Laguna Sanz E. (1991). El ganado español, un descubrimiento para América. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación de España. Secretaría General Técnica. Madrid, España.
- Langella O. (2002-2010). Software Populations v. 1.2.30. Bioinformatic Organization. France. En: [http://www.bioinformatics.org/groups/?group\\_id=84](http://www.bioinformatics.org/groups/?group_id=84) (Consulta: 04 de mayo de 2011).
- Li M.H., Zhao S.H., Bian C., Wang H.S., Wei H., Liu B., Yu M., Fan B., Chen S.L., Zhu M.J., Li S.J., Xiong T.A. & Li K. (2002). Genetic relationships among twelve Chinese indigenous goat populations based on microsatellite analysis. *Genet. Sel. Evol.*, 34(6): 729-44.
- Page R.D.M. (2001). Tree drawing software v. 1.6.6 for Apple Macintosh and Microsoft Windows. En: <http://taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/treeview.html> (Consulta: 04 de mayo de 2011)
- Qi Y., Luo J., Han X.F., Zhu Y.Z., Chen C., Liu J.X. & Sheng H.J. (2009). Genetic diversity and relationships of 10 Chinese goat breeds in the Middle and Western China. *Small Rum. Res.*, 82: 88-93.
- Raymond M. & Rousset F. (1996). An exact test for population differentiation. *Evolution*, 49: 1280-1283.
- Reynolds J., Weir B.S. & Cockerham C.C. (1983). Estimation of the coancestry coefficient basis for a short-term genetic distance. *Genetics* 105: 767-779.
- Saitbekova N., Gaillard C., Obexer-Ruff G. & Dolf, G. (1999). Genetic diversity in Swiss goat breeds based on microsatellite analysis. *Anim. Genet.*, 30: 36-41.
- Sañudo C. (2008). Manual de diferenciación racial. La Moderna. Industrias gráficas. Zaragoza.
- Sneath P.H.A. & Sokal H.H. (1973). Numerical taxonomy. Freeman Ed. San Francisco.
- Weir B.S. & Cockerham C.C. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38: 1358-1370.
- Zeder M.A. & Hesse B. (2000). The initial domestication of goats (*Capra hircus*) in the Zagros mountains 10,000 years ago. *Science*, 287 (5461): 2254-2257.