

DIVERSIDAD GENÉTICA MITOCONDRIAL EN POBLACIONES DE BOVINOS CRIOLLOS PERUANOS

MITOCHONDRIAL GENETIC DIVERSITY IN PERUVIAN CREOLE CATTLE POPULATIONS

Vallejo A.R.^{1,2*}, Risco R.^{2,3}, Yalta C.², Veli E.²

¹Bióloga. Ibagué, Colombia. *adri_vallejo@yahoo.com

²Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA). Lima, Perú

³Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú

Keywords: Peruvian Creole Cattle; Conservation genetics; HV1; Population genetics.

Palabras clave: Bovinos Criollos Peruanos; Genética de la conservación; HV1; Genética de las poblaciones.

Abstract

Peruvian Creole cattle are composed of heterogeneous populations adapted to very specific local conditions (e.g. highlands). The deficient information about genetic variability, phenotypic and genetic structure of these population is a limitation for implementation of conservation programs and genebanks. In order to know the status and gene pool of this germplasm, mitochondrial genetic diversity of 510 creole cattle of 46 locations in 7 regions (Ancash, La Libertad, Junín, Huancavelica, Ayacucho, Apurímac and Puno), was analyzed from hypervariable segment I (262 bp) of the D-loop region of mitochondrial DNA using the SSCP technique and DNA sequencing. Analysis of diversity and genetic structure were executed. A total of 26 haplotypes were identified with 27 polymorphic sites; levels of genetic diversity (π) and haplotype (h) were high for all regions studied, especially Ancash and Apurímac, and lower in the region of Junín. Genetic differentiation (F_{st} - AMOVA) was very low among regions. Regarding the composition of matrilineal Peruvian Creole cattle, we determined that haplogroup T3 is the most commonly observed (0.51), which holds that most of ancestors is constituted by European cattle. However, haplogroups T1 (0.03) and T2 (0.4) show a significant frequency. The diversity of Old World lineages in Peruvian Creole populations, suggesting a greater effect of Iberian breeds especially Portuguese, as well as common lineages in East Africa (probably as a result of the Arab occupation in Europe). The results indicate that Peruvian Creole cattle populations represent important reservoirs of genetic diversity, and should be implemented appropriate conservation measures.

Resumen

En la actualidad, los bovinos criollos existentes en el Perú se encuentran conformados por poblaciones heterogéneas adaptadas a condiciones locales muy particulares (como zonas altoandinas). La escasez de información acerca de la variabilidad genética, fenotípica y estructuración genética de bovinos criollos peruanos genera deficiencias en los programas de conservación, mejoramiento e implementación de bancos de germoplasma. Con el objetivo de conocer el estado y acervo genético de este germoplasma, la diversidad genética mitocondrial de 510 bovinos criollos de 46 localidades en 7 regiones del país (Ancash, La Libertad, Junín, Huancavelica, Ayacucho, Apurímac y Puno), fue analizada a partir del segmento hipervariable I (262 pb) de la región D-loop del ADN mitocondrial, utilizando la técnica de SSCP y secuenciación de ADN. Análisis de diversidad y estructuración genética fueron ejecutados. Un total de 26 haplotipos fueron identificados con 27 sitios polimórficos; los niveles de diversidad genética (π) y haplotípica (h) fueron altos para todas las regiones estudiadas, especialmente Ancash y Apurímac, y con niveles más bajos en la región de Junín. La diferenciación genética (F_{st} - AMOVA) fue muy baja entre regiones y el test de Mantel no arrojó ningún tipo de correlación espacial. En cuanto a la composición matrilineal de las poblaciones de ganado bovino criollo en el Perú, se pudo determinar que el haplogrupo T3 es el más comúnmente observado (0.51), lo que sustenta que la mayor parte de ancestros está constituido por ganado europeo. Sin embargo, las poblaciones también muestran frecuencias considerables del haplogrupo T2 (0.4) y muy bajas para T1 (0.03). La distribución y diversidad de los linajes del viejo mundo en las poblaciones criollas peruanas, sugieren un mayor efecto de razas ibéricas especialmente portuguesas, así como linajes comunes en el este de África (probablemente como resultado de la ocupación árabe en Europa, así como el intercambio de ganado con países Africanos). Los resultados indican que las poblaciones bovinas criollas en Perú, representan reservorios importantes de diversidad genética, por lo cual deberían ser implementadas medidas apropiadas de conservación.

Introducción

Los bovinos criollos existentes en el Perú están conformados por poblaciones heterogéneas adaptadas a condiciones muy particulares (altoandinas). Desde hace tres décadas la FAO y PNUMA (1981) vienen recomendando a los países latinoamericanos la conservación y evaluación del germoplasma de animales domésticos nativos y adaptados. No obstante, los sistemas de mejora genética tradicionales que se dan en paralelo a la crianza doméstica del criollo peruano están sustituyendo paulatinamente a este ganado por razas exóticas mejoradas. En los últimos años el ganado criollo ha tenido diversos grados de cruzamiento, con el ganado Holstein y Brown Swiss, al que se denomina como “criollo mejorado”, provocando una erosión genética en estas poblaciones. Por lo tanto, se hace necesaria la caracterización de la variabilidad genética mitocondrial, que permita identificar parte de la composición racial del bovino criollo peruano, y así crear estrategias adecuadas de conservación y mejoramiento genético. El objetivo principal de este trabajo fue caracterizar la diversidad genética poblacional de bovinos criollos peruanos basados en la región hipervariable I del ADN mitocondrial.

Material y métodos

Un total de 221 muestras de folículos pilosos y 289 muestras de sangre periférica fueron analizadas, en 47 poblaciones de 7 regiones del país (Ancash, La Libertad, Junín, Huancavelica, Ayacucho, Apurímac y Puno). La extracción de ADN se realizó a partir del protocolo de Sambrook & Rusell (2001). Se amplificó un fragmento de ADN de 262pb de la región control del ADN mitocondrial usando los cebadores DLOOPF y DLOOPR (Cortés *et al.*, 2008). Se estandarizó técnica SSCP empleando el DCode™ Universal Mutation System de BIO-RAD, realizando una electroforesis en geles no denaturantes de poliacrilamida al 8% y 5% de glicerol, por 24h a 150v y 4Watts a una temperatura de 6°C. La visualización de las bandas se realizó con la técnica de nitrato de plata (Sanguinetti *et al.*, 1994), con un ladder de 100pb como estándar. Los productos de PCR de los polimorfismos identificados fueron secuenciados con un ABI PRISM® 3730XL por duplicado (forward y reverse). Las secuencias obtenidas fueron editadas manualmente y alineadas con el programa SeqScape V2.1.1 (Applied Biosystems).

Resultados

A partir de las 510 muestras analizadas, se identificaron un total de 26 patrones de migración a partir de la técnica SSCP (Figura 1), las cuales posterior al secuenciamiento se les asignó su correspondiente haplotipo. Un total de 26 haplotipos fueron identificados con 27 sitios polimórficos; los niveles de diversidad genética ($\pi=0.00659 - 0.01221$) y haplotípica ($h=0.542 - 0.918$) fueron altos para todas las regiones estudiadas, especialmente Ancash y Apurímac, y con niveles más bajos en la región de Junín.

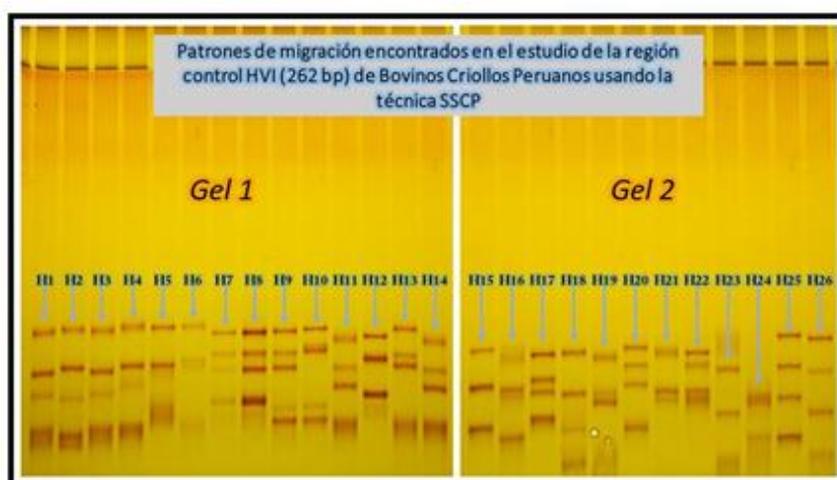


Figura 1. Geles de poliacrilamida tratados con la técnica SSCP estandarizada. (*Poliacrilamida gels treated with the standardized SSCP technique*)

La diferenciación genética (F_{st} – AMOVA) fue muy baja entre regiones y el test de Mantel no arrojó ningún tipo de correlación espacial. En cuanto a la composición matrilineal de las poblaciones de ganado bovino criollo en el Perú, se pudo determinar que el haplogrupo T3 es el más comúnmente observado (0.51), lo que sustenta

que la mayor parte de ancestros está constituida por ganado europeo. Sin embargo, las poblaciones también muestran frecuencias considerables del haplogrupo T2 (0.4) y muy bajas para T1 (0.03). (Figura 2). La distribución y diversidad de los linajes del viejo mundo en las poblaciones criollas peruanas, sugieren un mayor efecto de razas ibéricas especialmente portuguesas, así como linajes comunes en el este de África (probablemente como resultado de la ocupación árabe en Europa); esto es congruente con los resultados de estudios previos para poblaciones criollas sudamericanas de origen europeo (Ginja *et al.*, 2010).

Figura 2. Red haplotípica de 26 linajes maternos encontrados en poblaciones de bovinos criollos peruanos.

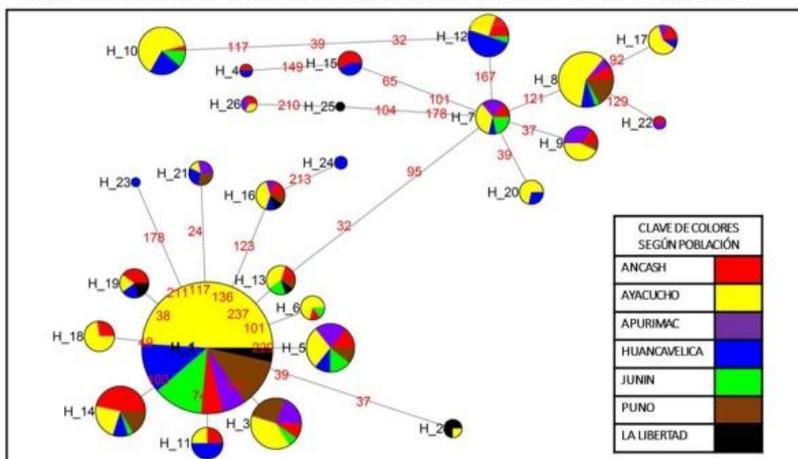


Figura 2. Red haplotípica de 26 linajes maternos encontrados en poblaciones de bovinos criollos Peruanos. (*Network of 26 maternal lineages found in Peruvian creole bovine populations*).

Conclusiones

Las regiones de Ayacucho, Ancash y Huancavelica presentaron una mayor diversidad haplotípica y genética, mientras que Junín, Apurímac, Puno y La Libertad fueron más bajas, lo que podría considerarse con un efecto de manejo posterior a la introducción y naturalización del bovino criollo en el Perú. Las poblaciones bovinas criollas en Perú, representan reservorios importantes de diversidad genética mitocondrial, por lo cual deberían ser implementadas medidas apropiadas de conservación.

Bibliografía

- FAO Y PNUMA. 1981. Recursos genéticos animales en América Latina - ganado criollo y especies de altura, estudio FAO: producción y sanidad animal. 22, 173. Roma. ISBN 92-5-301052-5.
- Cortés, O., Tupac-Yupanqui, I., Dunner, S., García-Atance, M.A., García, D., Fernández, J., & Cañón, J. 2008. Ancestral matrilineages and mitochondrial DNA diversity of the Lidia cattle breed. *Animal Genetics* 39 (6), 649 – 654.
- Ginja C., Penedo M.C.T., Melucci I., Quiroz J., Martínez López O.R., Revidatti M.A., Martínez-Martínez A., Delgado J.V. & Gama L.T. 2010. Origins and genetic diversity of New World Creole cattle: mitochondrial and Y chromosome polymorphisms. *Animal Genetics* 41 (2), 128 – 141.
- Sambrook J & Russell W. 2001. Molecular Cloning: a laboratory manual. CSHL Press. 3rd ed. New York.
- Sanguinetti CJ, Dias Neto E, & Simpson AJG. 1994. Rapid silver staining and recovery of PCR products separated on polyacrylamide gels. *Biotechniques* 17, 915-919.