

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE VACAS DE LA RAZA CRIOLLO LECHERO TROPICAL EN VERACRUZ, MÉXICO

GENETIC CHARACTERIZATION OF BREED COWS TROPICAL MILKING CREOLE IN VERACRUZ, MEXICO

Canales A.M.¹, Cervantes P.^{1*}, Hernández A.¹, Martínez A.², Landi V.², Delgado J.V.², López B.A.¹, Domínguez B.¹, Olmos A.¹; Valdés M.¹

¹Cuerpo Académico Reproducción y Biotecnología, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Veracruzana, México.

*mcanales87@hotmail.com

²Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, España.

Keywords: Microsatellites; Genetic Structure; Creole cattle; Allelic typing.

Palabras clave: Microsatélites; Estructura genética, Bovinos criollos; Tipificación alélica.

Abstract

The study of the genetic structure of populations Creole is essential for understanding the evolutionary potential and connectivity to other breeds. The objective of this research was to study the genetic variability and population structure of a bovine herd of 45 cows Tropical Milking Creole (CLT) also establish their genetic relationships with other European and reference landraces using microsatellite DNA. The DNA was extracted from hair and a panel of 27 microsatellite FAO recommended was used. Statistical genetic analysis was performed to allele frequencies (AF), genotypic, Hardy-Weinberg (HW), expected heterozygosity (HE) and observed (HO), F statistics and GST, Polymorphic Information Content (PIC), individual genetic distances and population structure to identify the formation of this population of cattle CLT. The means of the results of statistical analysis: the FA 7.36; effective number of alleles 3,837; HW disequilibrium 6; HE, HO 0.702 and 0.639; PIC of 0.658; Multilocus FIS 0.089. Genetic relationships with other races: FIS 0.059, 0.178 FIT, FST 0.126, 2.99, Number of migrants with Berrenda Colorada. Most genetic differentiation with GYR (0.239), the genetic distance Bramhan and Gyr (0.273 to 0.234) in the genetic structure, the CLT group cows differed from other breeds in the Kluster 9. The results show a population with a high variability and genetic diversity, the CLT population with Creoles of Spanish and European native breeds showed no mix of other breeds and have high purity, except for the 4 animals with influence from other cattle breeds.

Resumen

El estudio de la estructura genética de las poblaciones Criollas es esencial para comprender el potencial evolutivo y la conectividad, para esto se han aplicado varios marcadores incluyendo isoenzimas, proteínas sanguíneas, fragmentos de ADN polimórfico amplificados al azar y microsatélites. El objetivo de esta investigación fue estudiar la variabilidad genética y la estructura de la población de un hato bovino de 45 vacas Criollo Lechero Tropical (CLT) pertenecientes a la Unidad de Manejo para la Conservación de la Vida Silvestre (UMA) "El Ravelo", asimismo, establecer sus relaciones genéticas con otras razas europeas y criollas como referencia, utilizando microsatélites de ADN. El ADN se extrajo del pelo de cada uno de los animales, se utilizó un panel de 27 microsatélites recomendados por la FAO, se utilizaron los programas Genescan Analisis 3.1.2 y Genotyper 2.5 para la tipificación alélica. Para obtener el análisis genético se realizaron los análisis estadísticos de las frecuencias alélicas (FA), genotípicas, equilibrio Hardy-Weinberg (HW), Heterocigosis esperada (HE) y observada (HO), estadísticos F y GST, valores de Contenido de Información Polimórfica (PIC), distancias genéticas individuales y el estudio de la estructura población para identificar la conformación de esta población de Bovinos CLT. Las medias de los resultados de los análisis estadísticos: en las FA 7,36; número de alelos efectivos 3,837; equilibrio HW 6; los microsatelites mostraron desviaciones significativas por déficit de heterocigotos, HE 0,702 y HO de 0,639; PIC de 0,658; FIS multilocus 0,089. Relaciones genéticas con otras razas: FIS 0,059, FIT 0,178, FST 0,126, Número de migrantes 2,99 con la Berrenda Colorada. La mayor diferenciación genética con el GYR (0,239), la mayor distancia genética Gyr y Bramhan (0,273-0,234), en la estructura genética, las vacas CLT se diferenciaron del grupo de las demás razas en el Kluster 9. Los resultados muestran que se está ante una población con una gran diversidad genética, analizando la población de CLT con otras razas criollas, europeas y autóctonas españolas, se tiene una población que no tiene invasión de otras razas

y que todavía tiene cierto grado de pureza, a excepción de cuatro animales que tienen cruces y perdieron la pureza de la raza.

Introducción

El Criollo Lechero Tropical (CLT) es una raza que evolucionó hacia su adaptación a diferentes regiones tropicales de México así como a entornos agroecológicos extremos y ha adquirido rasgos característicos importantes como; rusticidad, adaptabilidad, resistencia a las enfermedades por ectoparásitos y al estrés generado por el clima tropical, (De Alba, 2011). De acuerdo con el Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (DAD-IS, 2013). Esta raza bovina criolla de Mesoamérica posee un potencial para la producción de leche a base de pastos pobres en nutrientes y pocos insumos comerciales. Por lo que el estudio de la biodiversidad de la raza CLT, su estructura genética y su parentesco con otras poblaciones de bovinos Criollos de América, Autóctonas Españolas, Europeas y Cebuinas, es esencial para comprender el potencial evolutivo, la salud y la sostenibilidad de ésta raza en climas extremos, lo que demanda estudiar la estructura genética y el parentesco entre estas razas, para lo cual se han aplicado varios marcadores incluyendo isoenzimas, proteínas sanguíneas, fragmentos de ADN polimórfico amplificados al azar (RAPD), microsatélites y polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción (RFLP). El presente estudio muestra los resultados de la aplicación de estas técnicas en una población de CLT, en Veracruz, México.

Material y métodos

Se analizó ADN de una población de 45 vacas CLT, con un panel de 27 microsatélites seleccionados de las recomendaciones de la FAO/ISAG (Food and Agriculture Organization/ International Society of Animal Genetics) para realizar estudios de biodiversidad genética bovina (FAO, 2004). Se utilizaron como referencia razas autóctonas españolas, criollas, europeas y cebuinas para identificar la conformación genética del CLT. La amplificación fue por reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y electroforesis en un secuenciador automático ABI377XL (Applied Biosystem®). El análisis de los fragmentos y la tipificación alélica fue con los programas estadísticos Genescan v.3.1.2 y Genotyper v.2.5 (Genescan®) respectivamente. Con los programas estadísticos GENOTYPER® 2.5, Genescan Analysis, GENEPOP v 3.1c, Cadena de Monte Carlo Markov, FSTAT v 2.9.3.2, GENETIX V, Fórmula de Botstein, Complemento The Excel Microsatellite Toolkit, los algoritmos de Bowcock y el de Reynolds, Neighborhood Journey, Populations 1.2.28 y DISTRUCT, se obtuvieron los análisis de gráficas de las bandas, los alelos y genotipos de cada microsatélite, el cálculo de las frecuencias alélicas y genotípicas y la prueba de equilibrio Hardy-Weinberg (HWE); riqueza alélica, la Heterocigosis observada (Ho), Heterocigosis esperada (He), estadísticos F, GST (Coeficiente de diferenciación Genética), análisis factorial de correspondencias múltiples, el valor de F_{IS} (coeficiente de endogamia) por población, el valor PIC, el agrupamiento por alelos compartidos para cada marcador, la distancia genética individual y por grupo, los dendogramas, las relaciones genéticas entre las poblaciones bovinas y el estudio de la estructura poblacional, respectivamente.

Resultados

La media de las Frecuencias alélicas fue de 7.36, que indica elevada riqueza alelica como indicador de la variabilidad genética del hato CLT estudiado; el número de alelos efectivos fue de 3,837 (número de alelos esperados por *locus* de una determinada población); en el análisis de EHW, 6 microsatélites se encontraron en desequilibrio; en todos los microsatélites se encontró desviación significativa (< 0.95), asociado a déficit de heterocigotos, He 0.702 y Ho de 0.639 que muestra exceso de homocigosis; el PIC de 0.658 indica que los 27 microsatélites son muy informativos y útiles para detectar variabilidad genética en CLT; El valor de FIS multilocus 0.089, revela que el nivel de endogamia es considerado de bajo a moderado. En la relación genética con otras razas los valores fueron para FIS 0.059, FIT 0.178, y FST 0.126. El número de migrantes 2.99 indica mayor asociación con la raza Berrenda Colorada; la diferenciación genética fue mayor con GYR (0.239); la mayor distancia genética fue para Gyr y Bramhan (0.273/0.234, respectivamente). Con respecto a la estructura genética, las vacas CLT se diferenciaron del grupo de las demás razas en el Kluster 9.

Conclusiones

Los resultados muestran que la población de CLT estudiada posee gran diversidad genética; que en el análisis de esta raza con otras razas criollas, europeas y autóctonas españolas. La constitución genética de la mayor parte de

las vacas CLT no presenta inmigración de otras razas y que tiene alto grado de pureza, con excepción de cuatro animales que mostraron cruces y mostraron pérdida de pureza racial.

Bibliografía

- DAD-IS. 2013. Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos. *dad.fao.org* [Consultado: 15/05/2014]
- De Alba, J. 2011. Los Criollos Lecheros Tropicales. En: El libro de los Bovinos Criollos de América, J. de Alba Martínez.). Ediciones Papiro Omega S.A. de C.V. México, D.F. pp. 92-98.
- FAO. 2004. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD). Recommended microsatellite markers. In: Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans.
- FAO-SAGARPA. 2002. Informe sobre la situación de los recursos genéticos pecuarios de México. www.sagarpa.gob.mx/.../InfoRGPECuariosM.aspx. Fecha de consulta: 13 de Noviembre 2012.
- Rosenberg, N.A. 2007. DISTRUCT: a program for the graphical display of population structure [Documentation file, online]. Document last modified on June 27, 2007 [Consultado: 07/12/2013].