

# WV S I R G E A I L C

## SIMPOSIO DE RECURSOS GENETICOS PARA AMERICA LATINA Y EL CARIBE

23 al 25 de Noviembre 2005

Radisson Victoria Plaza Hotel - Montevideo, Uruguay

ORGANIZAN:



INSTITUTO NACIONAL DE  
INVESTIGACIÓN AGROPECUARIA



FACULTAD DE  
AGRONOMIA  
UNIVERSIDAD DE LA REPUBLICA

Comité Nacional  
sobre Recursos Fitogenéticos

# Resúmenes

Declarado de Interés Nacional por el Poder Ejecutivo

APOYAN:



### UTILIZACIÓN DE MARCADORES MOLECULARES RAPDS PARA ESTUDIO DE VARIABILIDAD GENÉTICA EN EL PERRO CIMARRÓN DEL URUGUAY.

Llambi, S.; Martínez, M.; Gagliardi, R.  
 Área Genética. Facultad de Veterinaria. Montevideo-Uruguay. llambi@adinet.com.uy

El perro Cimarrón es el recurso genético canino nativo del Uruguay. Se piensa que se originó a partir del cruzamiento de perros mastines y lebreles introducidos por los españoles durante la conquista de América. En 1988 se funda la Sociedad de Criadores de perros Cimarrones con la finalidad de preservar y rescatar las características de esta raza. En nuestro laboratorio en los últimos años se comenzó a evaluar la utilización de marcadores moleculares de ADN con el objetivo de estudiar la variabilidad genética en esta raza. Los RAPDs son marcadores moleculares con un modo de herencia dominante que permiten realizar estudios intra e Inter- raciales. En una primera etapa hemos realizado extracciones de ADN con la técnica convencional de fenol-cloroformo y mezclas de ADN de hembras y de machos de esta raza para la estandarizar de reacciones de PCR convencional para RAPDs. En el presente trabajo se utilizan marcadores de la serie RAPD N° SUBC (University of ritish Columbia) de 10 mer aplicando la técnica de PCR convencional con una temperatura de hibridación de 36°C y 35 ciclos de amplificación. Utilizado 10 marcadores de esta serie hemos obtenido un 70% de amplificación de loci en el genoma de esta raza. De los RAPDs positivos el 43% se evaluaron como informativos. En esta etapa proponemos evaluar nuevos RAPD con la finalidad de obtener un set de marcadores que nos permitan realizar un análisis de variabilidad genética en esta raza.

El presente trabajo lo dedicamos en memoria de nuestra amiga y colega Dra Claudia Silveira.

**Palabras Claves:** Caninos, Cimarrón uruguayo, ADN, RAPD.

### CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE POBLACIONES SILVESTRES DE JABALÍ *Sus scrofa* A LOS EFECTOS DE PROPONER ESTRATEGIA PARA SU MANEJO

Lombardi, R.; Vergara, J.; García, G.  
 Sección Genética Evolutiva, Facultad de Ciencias, Uruguay.; ggarcia@fcien.edu.uy

El jabalí europeo *Sus scrofa* fue introducido en Uruguay en las primeras décadas del siglo XX en el Dpto. de Colonia (estancia de Anchorena) y en razón de las características propias de la especie y del ambiente, experimentó un notable incremento demográfico y expansión en su distribución original que aún continúa aparentemente produciéndose. Como resultado de su régimen omnívoro y hábitos predadores, comenzaron a constatare daños y perjuicios crecientes sobre cultivos, en majadas o por su posible hibridación y mezcla con razas del cerdo doméstico, lo cual llevó a que en el año 1982 se dictara una norma jurídica declarándolo plaga nacional y de libre caza (Decreto Nro. 463/982). El presente trabajo pretende la caracterización genética de las poblaciones silvestres de jabalí con marcadores moleculares (secuencias de ADN mitocondrial). Los árboles filogenéticos basados en secuencias de citocromo b mitocondrial hasta el presente, muestran el relacionamiento de poblaciones silvestres de Uruguay con cepas antiguas Ibéricas de *Sus scrofa*. Se pretende a partir de los resultados finales establecer estrategias efectivas para su control en las diferentes regiones del país.

### ESTUDIO DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA, A PARTIR DE SU INFORMACIÓN GENEALÓGICA DE UNA RAZA BOVINA EN SITUACIÓN CRÍTICA DE EXTINCIÓN: LA VACA PALLARESA

Marmi, J.; Casas, M.; Jordana, J.  
 Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193-Bellaterra, Barcelona, España.; Jordi.Jordana@uab.es

La vaca Pallaresa, autóctona de las comarcas pirenaicas orientales de Catalunya, se fue cruzando, a partir de las primeras décadas del s. XX, con bovino lechero importado de Suiza (Parda Alpina), dando lugar a través de cruzamientos repetidos y selección cárnica a la actual población de «Bruna dels Pirineus», ampliamente extendida en la zona. A mediados de s.XX el 60% de los bovinos de estas comarcas eran aún de raza Pallaresa. Su censo fue descendiendo dramáticamente en favor de la Bruna, llegando en la actualidad a catalogarse en el estatus de raza reliquia, pues sólo existen 20 animales vivos (18 vacas y 2 toros). En 2001, debido principalmente a su importancia como patrimonio genético cultural, se inició un Programa de Recuperación de la misma (DARP, Generalitat de Catalunya y Facultad de Veterinaria de Barcelona). Con el objetivo de disponer de una herramienta para optimizar los apareamientos (que complementa la caracterización morfológica y molecular), se procedió al análisis de sus parámetros demográficos y genealógicos, con la información genealógica disponible desde 1962. La información recaptada ha sido escasa; sólo 40 animales registrados. De éstos, nueve (un toro y ocho vacas) son fundadores. La variabilidad genética es muy reducida, ya que con sólo 7 individuos se explica el 100% y un único toro explica el 60%. Los valores de consanguinidad (F) en el global de la genealogía (13,1%) y en la población actual (21,9%) son elevados, y seguramente infravalorados, debido a la escasa cantidad y calidad de información disponible. La relación media de parentesco (AR) en el global de la genealogía fue del 33,9%, oscilando los coeficientes de coascendencia (f), entre toros y vacas de la población actual, del 11,7 al 52,3%. Los elevados valores de AR en las generaciones jóvenes (46,6%) hacen poco probable una reducción significativa de consanguinidad (existe programa de consanguinidad mínima), mas si tenemos en cuenta que éstos son los últimos supervivientes de la raza.

**Palabras Clave:** vaca, genealogía, variabilidad genética, consanguinidad

### ESTRUCTURA ALOZÍMICA DE POBLACIONES CULTIVADA Y SILVESTRE DE *Astronotus cf ocellatus* (Perciformes: Cichlidae).

Medina<sup>1</sup>, Julia y Bonilla<sup>2</sup>, Ana.  
<sup>1</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA) Estación Experimental local Guanapito, Estado Guárico, Venezuela. medinagj@cantv.net; jmedina@inia.gov.ve. <sup>2</sup>Laboratorio de Ictiología, Instituto de Zoología Tropical, Facultad de Ciencias, Universidad Central de Venezuela.

La diversidad biológica engloba la variabilidad orgánica en todos los niveles de complejidad, desde la diversidad molecular, los organismos, las poblaciones, las comunidades y por último los ecosistemas. La estructura genética de una población puede verse alterada por el efecto de factores como la deriva génica al azar, el flujo génico, las mutaciones, la selección natural y las migraciones, dichos cambios suceden continua pero lentamente, produciendo nuevas variedades y especies. Con la finalidad de cuidar factores importantes como la endogamia producida por el aislamiento continuado de grupos de peces y la pérdida de variabilidad genética, se realizó la presente investigación por medio de la técnica electroforética, para determinar la estructura iso y aloenzimática de poblaciones silvestre y cultivada de *Astronotus cf ocellatus* (pavona) especie con condiciones favorables para el cultivo. Se revelaron veintiséis (26) sistemas enzimáticos siguiendo las indicaciones, con ligeras modificaciones de Aebersold y col. (1987) y Sodsuk (1993). Los resultados muestran un total de veintisiete (27) loci monomórficos para ambas poblaciones, cuatro loci polimórficos dos comunes (*EST\** y *PGM*) y *G6PDH\** en la cultivada y *GPI\*-1* en la silvestre, variabilidad de 0.018 (cultivada) y 0.020 (silvestre) un polimorfismo de 9.70%, mayor porcentaje de loci en desequilibrio en población cultivada y elevado coeficiente de endogamia. Además, indican baja variabilidad genética, más marcada en la población cultivada, los mismos permiten concluir que las prácticas de cultivo influyen en la reducción de la variabilidad genética y en aumento del índice de endogamia en las poblaciones, lo cual concuerda con los reportes de otras investigaciones.

**Palabras clave:** Endogamia, Variabilidad genética, Polimorfismo, *Astronotus cf ocellatus*.

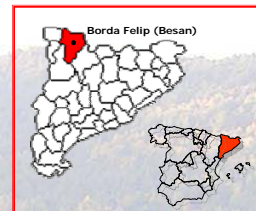
# ESTUDIO DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA, A PARTIR DE SU INFORMACIÓN GENEALÓGICA, DE UNA RAZA BOVINA EN SITUACIÓN CRÍTICA DE EXTINCIÓN: LA VACA PALLARESA

J. Marmi, M. Casas y J. Jordana

Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193-Bellaterra. Barcelona. España. Jordi.Jordana@uab.es



La raza bovina Pallaresa es autóctona de las comarcas pirenaicas orientales de Catalunya. Desde las primeras décadas del s. XX se fue cruzando con bovino de leche importado de Suiza (Parda Alpina), dando lugar a través de cruzamientos repetidos y selección hacia caracteres de tipo cárnico a la actual población de "Bruna dels Pirineus", ampliamente extendida en la zona. A partir de mediados de s.XX su censo fue descendiendo dramáticamente en favor de la Bruna, llegando en la actualidad a catalogarse en el estatus de raza reliquia, ya que tan solo existen 20 animales vivos (18 vacas y 2 toros) en una única localidad (Borda Felip del pueblo de Besan, Pallars Sobirà, Catalunya). En el año 2001, y debido principalmente a su importancia como patrimonio genético cultural, se inició un Programa de Recuperación de la misma, financiado por el DARP (Generalitat de Catalunya) en colaboración con la Facultad de Veterinaria de Barcelona.



En el presente trabajo se ha analizado la variabilidad genética de la vaca pallaresa a partir de la información genealógica disponible desde 1962.



## RESULTADOS OBTENIDOS

TABLA 1: PARÁMETROS GENEALÓGICOS CALCULADOS

Número de fundadores	9
Número efectivo de fundadores ( $f_e$ )	5.43
Número efectivo de ancestros ( $f_a$ )	3
Consanguinidad total ( $F_{\text{total}}$ )	13.1%
Consanguinidad población viva ( $F_{\text{vivos}}$ )	21.9%
Relación media total ( $AR_{\text{total}}$ )	33.9%
Relación media población viva ( $AR_{\text{vivos}}$ )	42.1%
Promedio de generaciones conocidas	2.55
Promedio de generaciones equivalentes	1.97

TABLA 2: PORCENTAJE DE VARIABILIDAD GENÉTICA EXPLICADA (VGE) POR LOS INDIVIDUOS MÁS REPRESENTADOS EN LA POBLACIÓN

INDIVIDUO	SEXO	AÑO NACIMIENTO	%VGE	%VGE ACUMULADO
Pallarés	M	1968	58.6	58.6
Furra	F	1965	12.8	71.4
Blanca	F	<1976	9.2	80.6
Alegre	F	<1968	5.7	86.3
Col	F	<1973	4.4	90.7
Estel	F	<1988	3.2	93.9
Pigalla	F	<1988	3.2	97.1

FIGURA 1: VALORES DE  $F$  Y  $AR$  EN FUNCIÓN DEL NÚMERO DE GENERACIONES CONOCIDAS

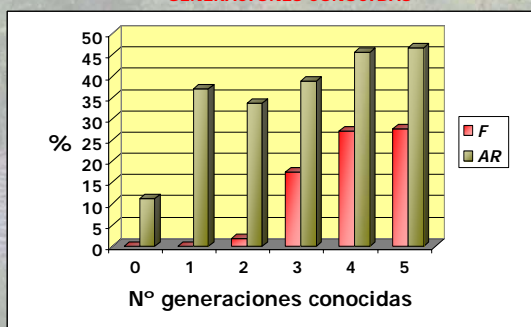


TABLA 3: COEFICIENTES DE COASCENDENCIA (%) ENTRE TOROS Y VACAS EN LA POBLACIÓN VIVA (en verde vacas más óptimas para apareamiento)

TORO: BLANC GROS	$f_{ij}$	TORO: BLANC PETIT	$f_{ij}$
VACA		VACA	
Rissada	11.7	Rissada	11.7
Neu	17.2	Neu	17.2
Pallaresa	17.2	Pallaresa	17.2
Rissos2000	17.2	Rissos2000	17.2
Plapa negra	17.2	Plapa negra	17.2
Banyes Ilevades	28.5	Aixerto	26.2
Mansa	28.5	Perdiu	26.2
Banya serrada	30.5	Lola	26.2
Milka	32.4	Banyes Ilevades	28.5
Filla de la Xanga	32.8	Mansa	28.5
Lola	39.4	Colomina	30.5
Perdiu	39.4	Banya serrada	30.5
Aixerto	39.4	Milka	32.4
Colomina	43.0	Besan	32.8
Milketa	47.1	Filla de la Xanga	32.8
Golosa	47.3	Milketa	33.8
Karmen	47.3	Golosa	34.0
Besan	52.3	Karmen	34.0

## DISCUSIÓN

Tal como era de esperar, en una población reliquia, la vaca pallaresa muestra una escasa variabilidad genética y una elevada consanguinidad (Tablas 1 y 2). Estos resultados, además, posiblemente estén infravalorados, debido a la escasa cantidad y calidad de los datos genealógicos disponibles. Los elevados valores de relación media de parentesco ( $AR$ ) en las generaciones más jóvenes (46,6%, Figura 1) hacen poco probable una reducción significativa de la consanguinidad en el futuro (habiéndose instaurado, no obstante, un programa de consanguinidad mínima), mas si tenemos en cuenta que éstos son los últimos supervivientes de la raza. Dentro del programa de consanguinidad mínima, sería prioritario favorecer los apareamientos entre el toro *Blanc Petit* y las vacas con las que presenta menores valores de los coeficientes de coascendencia (Tabla 3).

## BIBLIOGRAFIA

Gutiérrez, J.P.; Goyache, F. 2005: A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122: 172-176.  
 Gutiérrez, J.P.; Marmi, J.; Goyache, F.; Jordana, J. 2005: Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. *J. Anim. Breed. Genet.* 122: 378-386.  
<http://www.rac.uab.es>

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el *Departament d'Agricultura, Ramaderia i Pesca de la Generalitat de Catalunya*. También agradecemos al Sr. Ignasi Sinfreu Canturri el habernos facilitado los datos genealógicos, sin los cuales no habríamos podido realizar este estudio.