

VIRGEALC

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:



IDENTIFICACIÓN DE SNPS COMO HERRAMIENTA PARA DIFERENCIAR ESPECIES DENTRO DE UN MISMO GÉNERO VERSUS PERDIZ ROJA Y PERDIZ CHUKAR

García, C. B. y Arruga, M. V.
Laboratorio de Citogenética y Genética Molecular. Facultad de Veterinaria.; C/ Miguel Servet 177, 50013 Zaragoza. España; mvarruga@unizar.es

La perdiz roja (*Alectoris rufa*) es una especie aviar de gran importancia ecológica y cinegética. Las poblaciones de esta especie han ido disminuyendo desde hace varios años por problemas de destrucción de su hábitat, excesiva predación y presión cinegética, así como por hibridación con otras especies, principalmente con perdiz chukar (*A. chukar*).

Para diferenciar genéticamente ambas especies se han buscado SNPs en tres genes: *GH* (*growth hormone*) u *hormona de crecimiento*, *LRP/p40* y *MC1R* (*melanocortin 1-receptor*).

Los fragmentos de los genes fueron amplificados y posteriormente secuenciados. Las secuencias se analizaron con el programa BioEdit mediante un alineamiento de las mismas para su posterior análisis e identificación de SNPs.

Mediante este procedimiento se encontraron diferencias entre las secuencias originales de pollo y las obtenidas en perdices (57 posiciones diferentes de las 851 pares de bases estudiadas) pero también se localizaron 2 SNPs interspecíficos entre *A. rufa* y *A. chukar*.

Con este trabajo se ha conseguido un mayor conocimiento de la base genética de la perdiz chukar y de la perdiz roja y se ha creado un punto de referencia nuevo para tratar de identificar ejemplares de perdices pertenecientes a una u otra de las especies del género *Alectoris*.

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA INTRARRACIAL EN LA RAZA OVINA XISQUETA; UNA POBLACIÓN EN PELIGRO DE EXTINCIÓN

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

Raza autóctona de aptitud cárnica, que se localiza en las comarcas pirenaicas del NO de Catalunya. El censo estimado de efectivos puros lo situamos entre 12.000 a 15.000 individuos, habiéndose producido una reducción muy importante en los últimos años (> 20%). Si los condicionantes socio-económicos no cambian, se espera que continúe disminuyendo, de forma alarmante, en la próxima década. En el marco del Programa de Conservación (DARP de la Generalitat de Catalunya y Facultad de Veterinaria de Barcelona; año 2000), se analiza la variabilidad genética intrarracial de esta población, subestructurada en 4 comarcas y 14 subpoblaciones, basándonos para ello en criterios geográficos, disposición de los valles y zonas comunales de pastos de montaña (puertos). La muestra analizada fue de 622 individuos para un total de 13 marcadores de tipo microsatélite. Los valores medios de diversidad genética fueron elevados en todas las subpoblaciones ($H_E = 0,760 \pm 0,027$; como promedio), y sin diferencias significativas entre ellas. El análisis jerárquico de la raza, mediante el uso de los F-estadísticos, indicó que la población presenta una gran uniformidad a nivel genético, obteniendo un valor de diferenciación genética entre subpoblaciones relativamente bajo, aunque significativo ($F_{ST} = 0,011 \pm 0,001$), con unos valores de déficit de heterocigotos (estimación aproximada de la consanguinidad) del orden del 6% por subpoblación ($F_{IS} = 0,060 \pm 0,011$). Se analizan y discuten las estimaciones de consanguinidad para cada una de las subpoblaciones y las relaciones genéticas y migratorias existentes entre ellas, destacando, dentro de la gran uniformidad mostrada por la raza, las subpoblaciones de Esterrí d'Aneu, Vall Farrera y Valle de Isábena como las más diferenciadas de la raza, o como los núcleos pastoriles más cerrados genéticamente.

Palabras Clave: oveja, microsatélites, diversidad genética

CRECIMIENTO DE LECHONES DE LA RAZA CRIOLLA PAMPA-ROCHA Y CRUZAS CON DUROC EN CONDICIONES DE PRODUCCIÓN A CAMPO

Barlocco, N.; Vadell, A.; Franco, J.; Primo, P.
Facultad de Agronomía, Uruguay; nbarlocco@fagro.edu.uy

Se manejó información de crecimiento de lechones Pampa-Rocha (n=2052) y Duroc x Pampa-Rocha (n=1062) en el periodo 1996 a 2003, para analizar los efectos de raza del lechón (RL), peso al nacimiento (PN), y sexo (S), sobre el crecimiento individual desde el nacimiento hasta los 21 días (CP). Se utilizó como covariable el número de lechones nacidos vivos en la camada. La gestación, parto y lactancia se realizó en condiciones de campo. Las cerdas dispusieron de pasturas cultivadas durante todo el ciclo reproductivo, más ofertas variables de ración según estado fisiológico. La cerda y su camada se mantuvieron en piquetes conteniendo una paridera de campo «Tipo-Rocha». Los lechones dispusieron de ración de iniciación a partir de los 15 días de vida. No hubo efecto de RL y S sobre la variable estudiada. Se encontraron diferencias en el crecimiento de lechones con diferente PN, mostrando los lechones mayores a 1.500 kg al nacimiento mayor crecimiento que el resto ($p < 0.01$). El tamaño de camada afecta el crecimiento en el periodo estudiado ($p < 0.01$), lográndose 140 gramos menos de ganancia de peso en el periodo por cada aumento en un lechón en la camada. El crecimiento de lechones Pampa-Rocha y cruza de Duroc x Pampa-Rocha fue de 3883.4 ± 32.2 y 3786.6 ± 43.5 gr/periodo, respectivamente. Se observa el buen crecimiento de estos biotipos determinado por el aporte de leche materna de las cerdas Pampa-Rocha y los otros componentes del sistema tales como una alimentación basada en pasturas y condiciones de producción que favorecen el bienestar animal.

Palabras claves: crecimiento, lechones, cerdos criollos, producción a campo

EVOLUCION DEL TAMAÑO DE CAMADA DE CERDAS DE LA RAZA CRIOLLA PAMPA-ROCHA

Vadell, A.; Barlocco, N.; Franco, J.
Facultad de Agronomía, Uruguay; avadell@fagro.edu.uy

Se maneja información de 585 partos de 76 cerdas Pampa-Rocha durante el período 1994 - 2004, para analizar el efecto ordinal de parto (OP) sobre el número de lechones nacidos vivos (LNV) y destetados (LD). Se analizaron 12 grupos definidos por cada ordinal de parto desde el 1° hasta el 11°, estando constituido el último grupo por la agrupación de todos los partos desde el 12° al 18° inclusive. Todos los procesos productivos se realizaron en condiciones de campo. Se utilizaron parideras de campo ubicadas en piquetes empastados de 1500m² y delimitados por cerca eléctrica. La alimentación se basó en el uso de concentrados y pasturas permanentes. Se realizaron rotaciones de los animales en función del mejor aprovechamiento y conservación de las pasturas. La duración de la lactancia estuvo comprendida entre los 42 y 56 días. El total de cerdas dadas de baja en el plantel fue de 17, correspondiendo a una notoria mala productividad -dos partos consecutivos inferiores a 5 lechones destetados- (n=6), problemas locomotrices (n=3), fallas reproductivas (n=3) y por muerte (n=5). Los resultados demuestran la longevidad productiva de las cerdas Pampa-Rocha, ya que cerdas con ordinal de parto de 12 o más producen igual que las primerizas (LNV= 8.49 ± 0.27 y 8.60 ± 0.29 , LD= 7.53 ± 0.28 y 7.58 ± 0.30 , para partos 1 y 12 o más, respectivamente). Esto representa una característica valiosa de esta raza que determina que la incorporación de estas cerdas como reproductoras en los sistemas pastoriles de Uruguay permite planificar tasas de reemplazo bajas, lo que redundará en un menor costo.

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA INTRARRACIAL EN LA RAZA OVINA XISQUETA; UNA POBLACIÓN EN PELIGRO DE EXTINCIÓN

Rosa Avellanet, Josep Marmi y Jordi Jordana

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



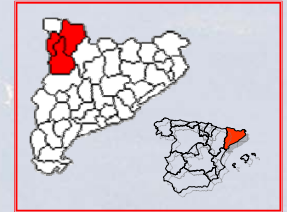
INTRODUCCIÓN

La raza ovina Xisqueta es una raza autóctona catalana, de aptitud cárnica, que se encuentra distribuida mayoritariamente en tres comarcas pirenaicas de la provincia de Lleida (NO de Catalunya; comarcas de la Alta Ribagorça, Pallars Jussà y Pallars Sobirà), y también en una pequeña zona colindante de la provincia de Huesca (Aragón; comarca de la Ribagorza). El censo estimado de efectivos puros lo situamos entre 12.000 a 15.000 individuos, habiéndose producido una reducción muy importante en los últimos años (≈ 20%) y, además se espera, si los condicionantes socio-económicos no cambian, que continúe disminuyendo, de forma alarmante, en la próxima década.

La oveja Xisqueta, conjuntamente con la Ojalada y la Montesina, deriva del tronco ancestral del *Ovis aries ibericus*. Los ovinos descendientes de este tronco -Tronco Ibérico- provienen directamente del primitivo ovino llegado de Asia Central, destacando en sus integrantes la escasa variabilidad interna y la fidelidad al modelo ancestral, hasta el punto que las diferentes razas derivadas muestran escasas diferencias morfológicas. Estas poblaciones, que predominan en zonas montañosas: Sistema Ibérico para la Ojalada, Sistema Penibético para la Montesina y Pirineos para la Xisqueta, muy a menudo se las conoce como “razas serranas”.

Conocida también con el nombre de Pallaresa –topónimo de las comarcas donde se ubica-, su proceso regresivo ha ido paralelo al despoblamiento rural y humano de estos lares, al escaso relevo generacional de la ganadería en general y al cambio, cada vez más acentuado, de las actividades de tipo primario por otras del sector secundario y terciario, turismo principalmente. En el año 2000 se inició un Programa de Conservación, financiado por el DARP (*Departament d'Agricultura, Ramaderia i Pesca de la Generalitat de Catalunya*) en colaboración con la Facultad de Veterinaria de Barcelona.

Presentamos aquí los resultados de su caracterización genética, a partir del análisis de 13 marcadores moleculares de tipo microsatélite sobre un total de 622 individuos.



MATERIAL Y MÉTODOS

Se extrajeron un total de 622 muestras sanguíneas de individuos de ambos sexos (375 hembras y 247 machos), muestreados de forma totalmente aleatoria, de la raza ovina Xisqueta. Las muestras se agruparon según la comarca de procedencia: 271 del Pallars Jussà, 173 de la Alta Ribagorça, 190 del Pallars Sobirà y 38 de la Ribagorza de Huesca. Para realizar el análisis jerárquico de la raza, y comprobar si existe una cierta subestructuración reproductiva en la misma, se procedió a dividir la población inicial en un total de 14 subpoblaciones. La subestructuración de las muestras se realizó en base a criterios geográficos, disposición de los valles y zonas comunales de pastos de montaña (puertos). La división resultó en un total de 6 subpoblaciones para el Pallars Jussà: JC-Claret (27H y 10M), JE-Les Esglésies (34H y 21M), JF-Vall Fosca (28H y 8M), JI-Isona (28H y 10M), JP-Pobla de Segur (28H y 28M) y JT-Torre de Tamúrcia (29H y 20M); 3 para la Alta Ribagorça: RB-Vall de Boí (17H y 22M), RP-Pont de Suert (23H y 20M) y RS-Senet (21H y 20M); 4 para el Pallars Sobirà: SA-Vall d'Àssua (36H y 21M), SE-Esterrí d'Àneu (13H y 25M), SF-Vall Ferrera (21H y 16M) y SS-Sort (40H y 18M); y 1 para la Ribagorza de Huesca: HU-Valle de Isábena (30H y 8M).

El ADN genómico se extrajo de las muestras sanguíneas según metodología estándar. Un total de 13 marcadores moleculares de tipo microsatélite fueron analizados en esta población. Los productos amplificados de PCR fueron analizados mediante electroforesis capilar con un equipo Applied Biosystems 3100 DNA Sequencer, e interpretados posteriormente mediante el software de análisis GENESCAN. El estudio genético-estadístico fue llevado a cabo mediante la utilización de diferentes programas de libre acceso (BIOSYS-2, GENEPOP, FSTAT, ARLEQUIN, POPULATIONS, etc).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La principal conclusión que se obtiene del análisis jerárquico realizado en la raza Xisqueta, es la elevada variabilidad genética que continúa manteniendo esta raza catalogada en peligro de extinción, y la gran uniformidad genética que existe entre todas sus subpoblaciones.

Los valores medios de diversidad genética fueron elevados en todas las subpoblaciones ($H_e = 0,760 \pm 0,027$; como promedio), y sin diferencias significativas entre ellas.

El análisis mediante los F-estadísticos corroboró la gran uniformidad a nivel genético, obteniéndose un valor de diferenciación genética entre subpoblaciones relativamente bajo, aunque significativo ($F_{ST} = 0,011 \pm 0,001$), con elevados valores de flujo génico ($N_e m$) entre todas ellas, oscilando de 8,26 a 347,04 los migrantes efectivos intercambiados por generación.

Los valores de déficit de heterocigotos (estimación aproximada de la consanguinidad) fueron del orden del 6% por subpoblación ($F_{IS} = 0,060 \pm 0,011$), aunque no atribuibles, básicamente a esta causa (apareamiento de individuos emparentados), dichos déficits para la mayoría de subpoblaciones (ver Tabla 3). Únicamente podríamos atribuir cierto valor a la consanguinidad a los déficits mostrados en las subpoblaciones JC-Claret, JP-Pobla de Segur y RB-Vall de Boí, ya que en ellos existe déficit significativo para una mayoría de loci.

Únicamente destacar, dentro de la gran uniformidad mostrada por la raza, las subpoblaciones de SE-Esterrí d'Àneu y SF-Vall Ferrera (ambas de la comarca Pallars Sobirà) y HU-Valle de Isábena (comarca de la Ribagorza de Huesca), como las más diferenciadas de la raza, o como los núcleos pastoriles más cerrados genéticamente.

Figura 1. Dendrograma mostrando las relaciones genéticas entre las diferentes subpoblaciones de Xisqueta. El árbol, no rotado, se construyó a partir de la distancia D_D de Reynolds, utilizando el algoritmo NJ. Los números en las bifurcaciones representan el porcentaje de 1.000 repeticiones bootstrap.

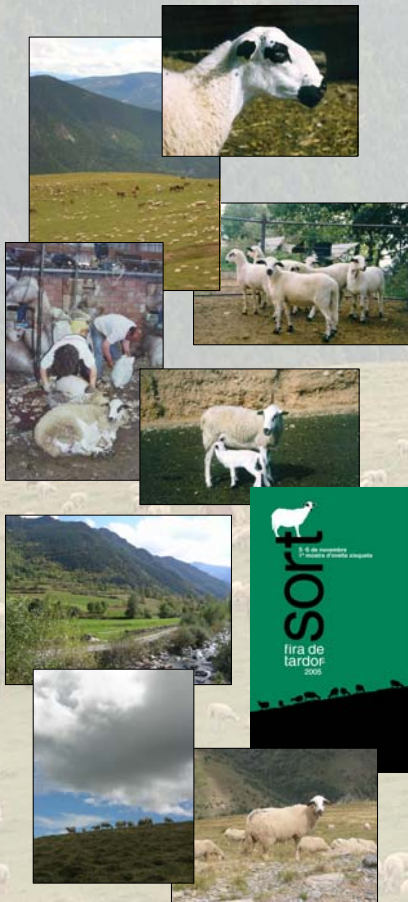
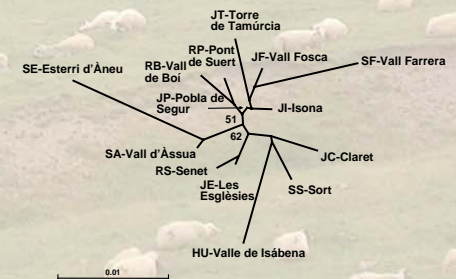


Tabla 1. Estadísticas de diversidad genética para los 13 sublocos de los marcadores de tipo microsatélite en la raza ovina Xisqueta.

Comarca / Subpoblación	Nº de individuos	Nº de alelos	H _e	H _d	F _{IS}
JC-Claret	37	4,8	0,713	0,738	0,031
JE-Les Esglésies	55	12	0,808	0,738	0,087
JF-Vall Fosca	36	11	0,738	0,738	0,000
JI-Isona	38	12	0,738	0,738	0,000
JP-Pobla de Segur	56	11	0,738	0,738	0,000
JT-Torre de Tamúrcia	49	12	0,738	0,738	0,000
RB-Vall de Boí	39	12	0,738	0,738	0,000
RP-Pont de Suert	43	12	0,738	0,738	0,000
RS-Senet	41	12	0,738	0,738	0,000
SA-Vall d'Àssua	57	12	0,738	0,738	0,000
SE-Esterrí d'Àneu	49	12	0,738	0,738	0,000
SF-Vall Ferrera	41	12	0,738	0,738	0,000
SS-Sort	58	12	0,738	0,738	0,000
HU-Valle de Isábena	38	12	0,738	0,738	0,000
TOTAL	622	12	0,760	0,738	0,027

Tabla 2. Estadísticas de la consanguinidad genética (F_{IS}) en las subpoblaciones de la raza ovina Xisqueta.

Comarca / Subpoblación	F _{IS}	F _{ST}	F _{IT}
JC-Claret	0,031	0,011	0,000
JE-Les Esglésies	0,087	0,011	0,000
JF-Vall Fosca	0,000	0,011	0,000
JI-Isona	0,000	0,011	0,000
JP-Pobla de Segur	0,000	0,011	0,000
JT-Torre de Tamúrcia	0,000	0,011	0,000
RB-Vall de Boí	0,000	0,011	0,000
RP-Pont de Suert	0,000	0,011	0,000
RS-Senet	0,000	0,011	0,000
SA-Vall d'Àssua	0,000	0,011	0,000
SE-Esterrí d'Àneu	0,000	0,011	0,000
SF-Vall Ferrera	0,000	0,011	0,000
SS-Sort	0,000	0,011	0,000
HU-Valle de Isábena	0,000	0,011	0,000
TOTAL	0,060	0,011	0,000

Tabla 3. Estadísticas de la consanguinidad genética (F_{IS}) en las subpoblaciones de la raza ovina Xisqueta.

Comarca / Subpoblación	F _{IS}	F _{ST}	F _{IT}
JC-Claret	0,031	0,011	0,000
JE-Les Esglésies	0,087	0,011	0,000
JF-Vall Fosca	0,000	0,011	0,000
JI-Isona	0,000	0,011	0,000
JP-Pobla de Segur	0,000	0,011	0,000
JT-Torre de Tamúrcia	0,000	0,011	0,000
RB-Vall de Boí	0,000	0,011	0,000
RP-Pont de Suert	0,000	0,011	0,000
RS-Senet	0,000	0,011	0,000
SA-Vall d'Àssua	0,000	0,011	0,000
SE-Esterrí d'Àneu	0,000	0,011	0,000
SF-Vall Ferrera	0,000	0,011	0,000
SS-Sort	0,000	0,011	0,000
HU-Valle de Isábena	0,000	0,011	0,000
TOTAL	0,060	0,011	0,000

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Avellanet, R. (2002). Tesina de Investigación. Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona.
Avellanet, R., Aranguren-Méndez, J.A., Jordana, J. (2005). *Animal Genetic Resources Information*, 37: 21-29.
Jordana, J. y Jordana, J. (1995). *Avances en Alimentación y Mejora Animal*, 35 (2): 11-18.
<http://www.rac.uab.es>

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el *Departament d'Agricultura, Ramaderia i Pesca de la Generalitat de Catalunya*, y por el proyecto INIA RZ01-003 del Ministerio de Ciencia y Tecnología. También agradecemos a los ganaderos de raza Xisqueta, y a su asociación (ACOXI), las facilidades y ayuda mostrada en todo momento.