



Archivos de Zootecnia

ISSN: 0004-0592

pa1gocag@lucano.uco.es

Universidad de Córdoba

España

Cortés, O.; Tupac-Yupanqui, I.; García-Atance, M.A.; Dunner, S.; Fernández, J.; Cañón, J.
ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE ORIGEN PATERNO EN LA RAZA BOVINA DE
LIDIA

Archivos de Zootecnia, vol. 60, núm. 231, septiembre, 2011, pp. 417-420

Universidad de Córdoba

Córdoba, España

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=49520788025>

- ▶ Cómo citar el artículo
- ▶ Número completo
- ▶ Más información del artículo
- ▶ Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

NOTA BREVE

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE ORIGEN PATERNO EN LA RAZA BOVINA DE LIDIA

PATERNAL GENETIC VARIABILITY INTO THE LIDIA BOVINE BREED

Cortés, O.^{1*}, Tupac-Yupanqui, I.¹, García-Atance, M.A.¹, Dunner, S.¹, Fernández, J.²
y Cañón, J.¹

¹Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad Complutense. Madrid. España.

*ocortes@vet.ucm.es

²Unión de Criadores de Toros de Lidia. Madrid. España.

PALABRAS CLAVES ADICIONALES

Cromosoma Y. Encastes. Microsatélites.

ADDITIONAL KEYWORDS

Y chromosome. Encastes. Micosatellites.

RESUMEN

El origen paterno en la raza bovina de Lidia se ha estudiado mediante el análisis de 6 microsatélites, un SNP y un Indel, localizados en el cromosoma Y, en un total de 603 machos pertenecientes a 33 encastes. Se han identificado 10 haplotipos con frecuencias entre 0,2% y 74%, todos clasificados dentro de los dos haplogrupos paternos previamente descritos en las razas bovinas domésticas europeas. De los 33 encastes, 25 presentaron un único haplotipo lo que justifica los bajos valores de diversidad haplotípica obtenidos. Según el análisis de varianza molecular, la mayor parte de la variabilidad genética se debe a las diferencias entre encastes ($F_{ST} = 82\%$). El análisis Network agrupó a los haplotipos pertenecientes al haplogrupo Y1 e Y2 en dos grupos claramente diferenciados.

SUMMARY

A total of 603 males belonging to 33 lineages were genotyped for 6 microsatellites, one SNP and one INDEL to clarify the paternal genetic diversity of the Lidia cattle breed. The number of haplotypes identifying were 10 with frequencies ranging between 0.2% to 74%. All the haplotypes belonging to the haplogroup previously defined in European domestic bovine breeds. In 25 of the 33 lineages only one haplotype was identifying with low values of haplotypic diversity in all the lineages. The majority of the genetic diversity was explained by genetic differences among lineages, as shown the AMOVA analysis ($F_{ST} = 82\%$). The Network ana-

lysis shown two cluster clearly separated made up of those haplotypes belonging to each haplogroup.

INTRODUCCIÓN

La raza bovina de Lidia presenta particularidades que la alejan de la mayoría de las razas bovinas domésticas europeas. Está dividida en subpoblaciones denominadas encastes aislados reproductivamente entre sí. Es la única raza bovina europea cuya finalidad se basa en caracteres de comportamiento. En la actualidad la mayor parte de su censo se localiza en las zonas de dehesa del sur y occidente de la Península Ibérica y en menor medida en Francia y Sudamérica. Los análisis genéticos realizados con microsatélites autosómicos (Cañón *et al.*, 2007, 2008) y ADN mitocondrial (Cortés *et al.*, 2008) en la raza bovina de Lidia han evidenciado una marcada estructura poblacional, posiblemente como consecuencia del aislamiento reproductivo entre encastes. La herencia paterna del cromosoma Y, hace que los marcadores localizados en él, sean los más apropiados para analizar la diversidad genética de origen paterno en las poblaciones. Recientemente el análisis de una inserción/deleción (ZFY_19) y de un polimorfismo nucleotídico simple (UTY_10) han permiti-

Presentado al Congreso SERGA (2010, Asturias).

Recibido: 7-12-10. Aceptado: 13-4-11.

Arch. Zootec. 60 (231): 417-420. 2011.

do identificar dos haplogrupos principales en las razas bovinas europeas (Gotherstrom *et al.*, 2005). Uno mayoritario en el centro y norte del continente (Y1), y el segundo en razas del sur (Y2). El objetivo del este estudio es analizar la diversidad genética de origen paterno en la raza bovina de Lidia y las influencias paternas durante su formación.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han genotipado un total de 603 machos pertenecientes a 81 ganaderías y agrupadas en 33 encastes. Se han analizado 6 marcadores de tipo microsatélite (INRA189, BYM1, UMN0307, DYZ1, UMN0103 y BM861) mediante electroforesis capilar en un ABI3130, el INDEL ZFY_19 mediante PCR alelo específica y el SNP UTY_10 mediante la técnica de Polimorfismos de Conformación de Cadenas Sencillas (SSCP). Los resultados se analizaron con el programa Arlequín v. 3.11 (Excoffier *et al.*, 2005) y el programa Network 3.0 (<http://www.fluxus-technology.com>).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Todos los microsatélites analizados resultaron polimórficos, excepto el BM861, con una distribución unimodal de los alelos. En todos ellos el alelo más frecuente presentó una frecuencia superior al 75%. Con la combinación de los alelos de los 6 microsatélites se identificaron 10 haplotipos con frecuencias muy dispares (figura 1 y tabla I). Este número resulta elevado comparado con otros estudios en razas bovinas europeas (Ginja *et al.*, 2009), debido posiblemente al elevado número de muestras analizadas.

La frecuencia conjunta de los dos haplotipos más frecuentes (H1-74% y H3-18%), es del 92%, siendo este resultado similar al obtenido en otras razas bovinas donde un reducido número de haplotipos presentan elevadas frecuencias (Li *et al.*, 2007). En el encaste Miura se identificó un único haplotipo (H6), específico del encaste y Pablo Romero presentó el haplotipo específico (H8) en todas sus muestras analizadas excepto en una.

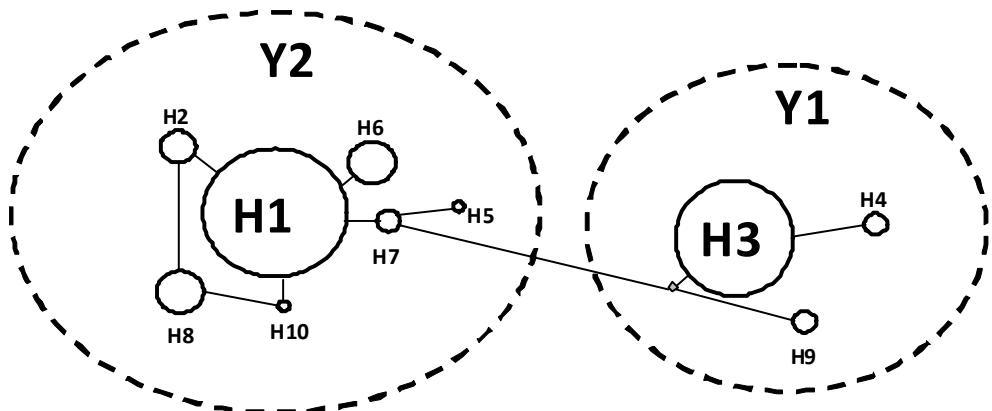


Figura 1. Representación Network de los 10 haplotipos identificados en la raza bovina de lidia. El tamaño de los círculos es proporcional a su frecuencia. (Network representation of the 10 haplotypes identified into the lidia bovine breed. The sizes of the circles are proportional to their frequencies).

VARIABILIDAD GENÉTICA PATERNA EN LA RAZA DE LIDIA

Tabla II. Animales analizados, valores de las frecuencias haplotípicas, diversidad haplotípica, frecuencias de los haplogrupos Y1 e Y2 por encaste, y distancia F_{ST} media de cada encaste respecto al resto(%). (Animals, haplotype frequencies, haplotype diversity, haplogroups Y1 and Y2 frequencies by encaste, and average genetic distance from each encaste to the rest in terms of F_{ST}).

Encaste	Total	H1 Y2	H2 Y2	H3 Y1	H4 Y1	H5 Y2	H6 Y2	H7 Y2	H8 Y2	H9 Y1	H10 Y2	Y1	Y2	He	Distancia F_{ST} (%)	
Mi	15	-	-	-	-	-	100	-	-	-	-	-	-	100	0	97
PR	15	7	-	-	-	-	-	-	93	-	-	-	-	100	0,13	90
DG	15	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
CS	15	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
PC	15	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
JOC	8	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
B	15	80	-	-	-	-	-	-	-	20	-	20	80	0,34	30	
Mu	29	93	-	-	-	-	-	7	-	-	-	-	-	100	0,13	24
Co	15	7	-	80	13	-	-	-	-	-	-	93	7	0,36	67	
S	15	-	-	100	-	-	-	-	-	-	-	100	-	0	82	
SC	50	88	-	12	-	-	-	-	-	-	-	12	88	0,22	24	
MA	15	-	-	100	-	-	-	-	-	-	-	100	-	0	82	
AP	15	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
SF	10	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
GC	15	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
P	15	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
CC	15	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
JPD	55	96	-	-	-	2	-	-	-	-	-	2	-	100	0,072	25
AF	28	64	26	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0,48	36
CM	10	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
CN	25	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	26
U	14	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
DRM	15	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
BI	15	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
MV	20	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	26
Cu	15	-	-	100	-	-	-	-	-	-	-	100	-	0	82	
G	15	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	-	0	25	
BC	20	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	26
VV	40	2	-	98	-	-	-	-	-	-	-	98	2	0,05	80	
AR	15	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
MM	2	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	23
RS	7	-	-	100	-	-	-	-	-	-	-	100	-	0	81	
MSJ	15	100	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	100	0	25
RL	603	74,0	1,7	18,1	0,3	0,2	2,5	0,3	2,3	0,5	0,2	19	81	0,42	-	

AF: Atanasio Fernández (6); AP: Antonio Pérez (1); AR: Arauz de Robles (1); B: Braganza (1); BC: Benítez Cubero (2); BI: Baltasar Iban (2); C: Contreras (4); C: Cuadri (1); CC: Conde de la Corte (1); CM: Conde de la Maza (1); CN: Carlos Núñez (5); CS: Concha y Sierra (1); DG: Diego Garrido (1); DRM: Dolores Rufino Martín (1); G: Gavira (1); GC: Gamero Cívico (4); JOC: Jacinto Ortega Casado (1); JPD: Juan Pedro Domecq (9); M: Miura (1); M: Murube (4); MA: Marques de Albaserrada (3); MM: María Montalvo (1); MSJ: Mariano Sanz Jiménez (1); MV: Marques de Villamarta (3); P: Pedrajas (2); PC: Prieto de la Cal (1); PR: Pablo Romero (1); RL: Raza de Lidia; RS: Ramon Sánchez (1); S: Saltillo (4); SC: Santa Coloma (10); SF: Samuel Flores (2); U: Urcola (1); VV: Vega Villar (3). Entre paréntesis: ganaderías analizadas por encaste. (Between brackets: number of herds by encaste).

De los 33 encastes analizados, 25 presentaron un único haplotípico, y en los 8 encastes restantes la frecuencia del haplotípico mayoritario fue superior al 60%.

La diversidad haplotípica resultó baja variando entre 0,01 y 0,36, resultado similar al obtenido en otras razas bovinas europeas (Ginja *et al.*, 2009). Probablemente la reducida diversidad haplotípica de la raza bovina de Lidia se deba a la escasa variabilidad genética del cromosoma Y en las poblaciones ancestrales, a la práctica tradicional en la raza bovina de Lidia de utilizar un reducido número de machos reproductores y al aislamiento reproductivo entre encastes y el reducido tamaño efectivo consiguiente (alrededor de 30; Cañón *et al.*, 2008). El análisis de varianza molecular reflejó la reducida variabilidad haplotípica dentro de cada encaste, siendo las diferencias entre encastes las que explican la mayor parte de la variabilidad genética del cromosoma Y (82%).

Al considerar a la raza de Lidia en su conjunto sin la división en encastes, la diversidad haplotípica es de 0,42, siendo este valor superior al publicado en otras razas bovinas domésticas de la Península Ibérica (Ginja *et al.*, 2009). El aislamiento

reproductivo entre los encastes y su reducido tamaño efectivo favorecen el efecto de la deriva genética en los encastes. La aportación a la diversidad genética global de la raza de cada uno de los encastes justifica el aumento de la diversidad haplotípica. Al incluir la información del INDEL y el SNP el número de haplotipos no varió. La frecuencia del haplogrupo Y2 (81%) fue superior a la del haplogrupo Y1 (19%), como corresponde a una raza mediterránea.

La distancia FST media de cada encaste con respecto al resto varió en un rango del 23% al 97%, separando a los encastes en tres grupos. El primero, formado por los encastes donde el haplotípico mayoritario es el H1, el segundo por los encastes donde el haplotípico mayoritario es el H3, y el tercero lo formarían los encastes Miura (97%) y Pablo Romero (90%) como consecuencia de presentar cada uno un haplotípico exclusivo con una elevada frecuencia. El análisis *network* separó a los haplotipos pertenecientes a los haplogrupos Y1 e Y2 en dos grupos claramente diferenciados.

AGRADECIMIENTOS

Proyecto RZ2008-00005-C02-02 financiado por el I.N.I.A.

BIBLIOGRAFÍA

- Cañón, J., Cortés, O., García, D., García-Atance, M.A., Tupac-Yupanqui, I. and Dunner, S. 2007. Distribución de la variabilidad genética en la raza de Lidia. *Arch. Zootec.*, 56 (Supl. 1): 391-396.
- Cañón, J., Tupac-Yupanqui, I., García-Atance, M. A., Cortés, O., García, D., Fernández, J., and Dunner, S. 2008. Genetic variation within the Lidia bovine breed. *Anim. Genet.*, 39: 439-445.
- Cortés, O., Tupac-Yupanqui, I., Dunner, S., García-Atance, M.A., García, D., Fernández, J. and Cañón, J. 2008. Ancestral matrilineages and mitochondrial DNA diversity of the Lidia cattle breed. *Anim. Genet.*, 39: 649-954.
- Excoffier L., Laval, G. and Schneider, S. 2005. Arlequin version 3.0: an integrated software package for population genetics data analysis. *Evol. Bioinform. Online*, 1: 47-50.
- Ginja, C., Telo da Gama, L. and Penedo, M.C. 2009. Y chromosome haplotype analysis in Portuguese cattle breeds using SNPs and STRs. *J. Hered.*, 100: 148-57.
- Gothenstrom, A., Anderung, C., Hellborg, L., Elburg, R., Smith, C., Bradley, D.G. and Ellegren, H. 2005. Cattle domestication in the Near East was followed by hybridization with aurochs bulls in Europe. *Proc. Biol. Sci.*, 272: 2345-2350.
- Li, M.H., Zerabruk, M., Vangen, O., Olsaker, I. and Kantanen, J. 2007. Reduced genetic structure of north Ethiopian cattle revealed by Y-chromosome analysis. *Heredity*, 98: 214-221.