



DIVERSIDAD GENÉTICA DEL GUAJOLOTE (*M. gallopavo*) EN COMUNIDADES RURALES DE CHIAPAS

Francisco A. Cigarroa Vázquez^{1*}, José G. Herrera Haro², Benigno Ruiz Sesma³, Paula Mendoza Nazar⁴

¹Colegio de Postgraduados, Montecillo, Estado de México.

²Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Autónoma de Chiapas, Tuxtla Gutiérrez, Chiapas, México.

§ Autor de correspondencia: Cigarroa_vazquez@hotmail.com

RESUMEN

El guajolote doméstico (*M. gallopavo*) es una especie originaria de México de donde fue llevada al viejo mundo y mejorada para su explotación en confinamiento intensivo. El objetivo de este estudio fue el contribuir al conocimiento de la diversidad genética y estructura de la población del guajolote nativo, en la región centro norte de Chiapas, México. Un total de 79 muestras de guajolotes fueron obtenidas aleatoriamente de una población de 272 guajolotes adultos, distribuidos en 9 comunidades, fueron analizados mediante 5 loci (SSR). El análisis de diversidad genética comprendió las frecuencias alélicas, heterocigosidad y los coeficientes de consanguinidad de Wright (FIT, FST and FIS) fueron obtenidos con el programa POPGENE (V.1.32) y el análisis multivariado de similitud usando SAS (V.9.0). Se identificaron 15 alelos en 9 poblaciones de guajolote, con 5 loci seleccionados. El número promedio de alelos para los guajolotes fue de 2.38. La heterocigosidad observada fue 0.61, oscilando de 0.40 a 0.86. La mayor heterocigosis fue observada en la región Frailesca en las comunidades de Domingo Chanona (0.65 ± 0.36) y Guadalupe Victoria (0.69 ± 0.40). Los guajolotes nativos evidenciaron una diferenciación genética entre poblaciones ($F_{st}=0.077$), la cual fue mayor para la Frailesca ($F_{st}=0.123$) y menor para las regiones centro y norte, $F_{st}=0.0663$ y $F_{st}=0.0440$, respectivamente.

Palabras clave: Biodiversidad, *Meleagris gallopavo*, microsatélites.

INTRODUCCIÓN

El conocimiento de la biodiversidad el Guajolote autóctono (*M. gallopavo*) permite definir programas de conservación y multiplicación basados en su variabilidad genética a nivel de poblaciones y genes, y las estrategias a seguir para conservar tantos alelos como sus variantes. Una población de guajolotes en el sentido genético no es sólo un grupo de individuos, sino un grupo reproductivo, de forma que la información de la constitución genética de los individuos permitirá escoger aquellos que transmitirán genes de una generación a la siguiente (Falconer y Mackay, 1996).

Los estudios de diversidad genética en el guajolote (Trigueros *et al.*, 2003; Chassin *et al.*, 2005; López Zavala *et al.*, 2013), se han basado en marcadores moleculares de tipo RAPD's (amplificación al azar de ADN polimórfico) y SSR's (secuencias cortas repetidas) en líneas genéticas de pavos y guajolotes silvestres (Huang *et al.*, 1998; Latch *et al.*, 2002; Reed *et al.*, 2003; Burt *et al.*, 2003; Smith *et al.*, 2005). Por ello, el uso de microsatélites (SSR's) es una herramienta imprescindible para conocer la estructura, el flujo genético local, la migración así



Memoria de resúmenes
6º Congreso Nacional sobre Conservación y Utilización de los Recursos Zoogenéticos

como también el tamaño efectivo de la población, mediante la comparación de las frecuencias alélicas, dentro y entre poblaciones, debido a que se distribuyen por todo el genoma de la mayoría de los organismos y son altamente mutagénicos, lo que los hace excelentes para estudios genéticos de población (Reed *et al.*, 2002; Aranguren Méndez *et al.*, 2002; Sunnucks, 2000).

La cuantificación de la variabilidad genética y el resumen de la información, se realiza mediante la determinación del porcentaje de loci polimórficos, el promedio de alelos por locus, la heterocigosidad esperada, observada y el índice de contenido de polimórfico (Aranguren Méndez *et al.*, 2005). Por lo anterior, se planteó un estudio con el objetivo de analizar la diversidad genética de una población de guajolote autóctono (*M. gallopavo*) usando marcadores moleculares de tipo microsatélites en tres regiones fisiográficas del estado de Chiapas.

MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se realizó en la región Centro Norte de Chiapas. Se muestrearon las comunidades Las Maravillas, Terán y La Trinidad de la Región Centro; La Soledad, Santa Cruz, El Recuerdo y El Carrizal de la Región Norte y; Domingo Chanona y Guadalupe Victoria de la Región Frailesca. Se colectaron 79 muestras de sangre de guajolotes autóctonos, de 8 a 18 meses de edad, obtenidas aleatoriamente dentro de unidades de producción, localizados en nueve comunidades de tres regiones de Chiapas. La selección de la muestra se basó en un marco de muestreo de 272 unidades de producción con más de dos guajolotes adultos.

Para la extracción de ADN se utilizó el kit de extracción (Wizard® Genomic DNA Purification; Promega®). Se cuantificó el contenido de ADN de las muestras por medio de un espectrofotómetro (Perkin Elmer®), posteriormente al producto de la PCR de las muestras se procedió a identificar, mediante electroforesis en gel de agarosa al 3 %. La lectura se realizó en un fotodocumentador (Major Science®) de luz ultravioleta (UV) y se capturaron las imágenes por computadora con el sistema generador de imágenes (SmartView Pro 1100), para la identificación del polimorfismo. Se utilizaron cinco *loci* de oligonucleótidos de secuencias simples repetidas (SSR): RHT0037, ADL0023, RHT0032, RHT0051, RHT0096 que han sido descritos por Burt *et al.* (2003).

La diversidad genética de cada población y grupos de poblaciones fue cuantificada mediante las medidas básicas de la diversidad genética: número total de alelos, frecuencias alélicas, heterocigosidad observada y esperada, y los F estadísticos de Wright (FIT, FST and FIS). Se utilizó el programa POPGENE (V. 1.32).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Un total de 15 alelos se identificaron en 9 poblaciones, con 5 *loci* seleccionados para este estudio, lo cual fue inferior a lo reportado por Burt *et al.* (2002), quienes obtuvieron 2.38 alelos en promedio. El locus RHT0037 fue el que presentó el mayor número de alelos, los cuales mostraron ser altamente polimórficos, por ello pueden ser utilizados como indicadores de variabilidad genética en otras poblaciones (Cuadro 1). López Zavala *et al.* (2013) reportan un promedio de 9.28 alelos en un estudio de dos poblaciones de guajolote, una doméstica y otra



Memoria de resúmenes
6º Congreso Nacional sobre Conservación y Utilización de los Recursos Zoogenéticos

silvestre, basados en siete *loci* frecuentemente utilizados por diferentes investigadores (Reed *et al.*, 2003; Latch *et al.*, 2002; Burt *et al.*, 2003), siendo este reporte inferior a lo informado en este estudio. Así mismo el promedio de heterocigosidad observada para los loci fue de $H_o = 0.61$, oscilando de $H_o = 0.40$ en el locus RHT0032 a $H_o = 0.86$ en el locus RHT0037, respectivamente.

Cuadro 1. Número total de alelos (NTa), Número efectivo de alelos (NTe), Heterocigosidad observada (Ho) y Heterocigosidad esperada (He) en cada población.

Región	Comunidad	n	NTa	NTe	$H_o \pm DE$	$H_e \pm DE$
Centro	Las Maravillas	12	11	9.12	0.50 ± 0.26	0.41 ± 0.28
	Terán	10	14	9.68	0.61 ± 0.38	0.44 ± 0.22
	La Trinidad	12	11	9.29	0.51 ± 0.44	0.41 ± 0.27
Norte	La Soledad	7	12	9.84	0.61 ± 0.35	0.46 ± 0.21
	Santa Cruz	5	11	9.78	0.56 ± 0.43	0.41 ± 0.30
	El Recuerdo	5	11	10.36	0.60 ± 0.45	0.50 ± 0.31
	El Carrizal	7	12	10.52	0.60 ± 0.39	0.48 ± 0.28
Frailesca	Domingo Chanona	12	13	11.34	0.65 ± 0.36	0.51 ± 0.24
	Guadalupe victoria	9	12	10.57	0.69 ± 0.40	0.47 ± 0.27

El mayor número de alelos por locus fue la comunidad Terán de la región Centro de Chiapas, seguido de la comunidad Domingo Chanona, con 13 alelos perteneciente a la región Frailesca, oscilando de 11 a 14 alelos totales en todas las comunidades; esta última comunidad obtuvo el mayor número de alelos efectivos con 11.34, seguido de la comunidad Guadalupe Victoria con 10.57, comunidades pertenecientes a la misma región.

Con respecto a la heterocigosidad observada, la región Frailesca obtuvo la mayor heterocigosidad observada $H_o = 0.65$ y $H_o = 0.69$ en comunidades Domingo Chanona y Guadalupe Victoria, respectivamente; esta heterocigosidad media, puede deberse a el intercambio de animales (machos) entre las regiones de muestreo.

El grado de endogamia determinado por los estadísticos F de Wright, se presenta en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Coeficientes de endogamia (F) obtenidos a partir de 5 loci de microsatélites en poblaciones de guajolotes autóctonos en tres regiones de Chiapas.

Región	n	Fis	Fit	Fst
Centro	48	0.3735	0.2825	0.0663
Norte	50	0.3910	0.3298	0.0440
Frailesca	35	0.4375	0.4198	0.1230

Se observa que el indicador de individuos heterocigotos (Fis), presentó el valor más bajo en la región del centro con $Fis = 0.3735$, valor inferior a lo informado por Siedel (2010) de $Fis=0.05$, al estudiar población de guajolotes silvestres. Así mismo López Zavala *et al.* (2013) reportaron un coeficiente de endogamia superior a este estudio de 0.109 para poblaciones domésticas y de 0.60 para poblaciones silvestres.



Memoria de resúmenes
6º Congreso Nacional sobre Conservación y Utilización de los Recursos Zoogenéticos

La pérdida de heterocigotos (F_{it}) obtenida en este estudio oscila de $F_{it}= 0.28$ y $F_{it}= 0.42$. La diferenciación genética (F_{st}) entre las tres poblaciones, fue mayor para la Región Frailesca $F_{st}=0.12$ y menor para las Regiones Centro y Norte con $F_{st}=0.0663$ y $F_{st}= 0.044$, respectivamente, estos valores indican que la región frailesca difiere de las otras, debido a la introducción nuevos individuos compartidos con otras regiones.

CONCLUSIONES

El estudio permitió hacer una estimación de la diversidad genética de las aves; la heterocigosidad mostró una evidencia preliminar que genéticamente estas poblaciones son diferentes, pero no en un alto grado.

La similitud de las poblaciones medidas a través de los coeficientes de endogamia mostró que en las tres poblaciones hay un exceso de heterocigotos dentro y entre poblaciones, lo cual puede ser atribuido a su cercanía e intercambio continuo de animales.

Las diferencias observadas a través de los *loci* fueron de 0.06, 0.04 y 0.12 para Centro, Norte y Frailesca respectivamente, cuya variación genética total dentro de poblaciones fue de 96%, 94% y 88%.

BIBLIOGRAFÍA

- Aranguren Méndez, J., Jordana, J., Avellanet, R. and Torrens, M. 2002. Estudio de la variabilidad genética en la raza bovina Mallorquina para propósitos de conservación. *Revista Científica*, 12(005).
- Burt DW, Morrice DR, Sewalem A, Smith J, Paton IR, Smith EJ, Bently J. and Hocking PM. 2003. Preliminary linkage map of the turkey (*Meleagris gallopavo*) based on microsatellite markers. *Anim. Genet.* 34:399-409.
- Chassin N.O., Lopez Zavala R., Cano Camacho H., Suárez Corona E., Juárez Caratachea A. y Zavala Páramo M.G. 2005. Diversidad y Similitud Genética entre poblaciones de guajolotes mexicanos utilizando un método de amplificación aleatorio de ADN polimórfico (RAPD). *Téc. Pec. Méx* 43(3): 415-424.
- Falconer, D. S. and Mackay, T. F. 1996. *Introduction to quantitative genetics*.
- Huang, H. B., Song, Y. Q., Hsei, M., Zahorchak, R., Chiu, J., Teuscher, C. and Smith, E. J. 1998. Development and characterization of genetic mapping resources for the turkey (*Meleagris gallopavo*). *The Journal of heredity*, 90(1), 240-242.
- Latch EK, Smith EJ, Rhodes Jr, OE. 2002. Isolation and characterization of microsatellite loci in wild and domestic turkeys (*Meleagris gallopavo*). *Mol Ecol Not.* 2:176-178.
- López, Z. R., T. Monterrubio, H. Cano, O. Chassin, U. Aguilera y G. Zavala. 2008. Caracterización de sistemas de producción del guajolote doméstico (*Meleagris Gallopavo gallopavo*) de traspatio distribuidos en las cinco regiones fisiográficas del estado de Michoacán, México. *Téc. Pec. Méx.* Vol. 46(3): 303-316
- Reed KM, Chávez LD, Hall MK, Knutson TP, Rowe JA and Torgersen AJ. 2003. Microsatellite loci for genetic mapping in the turkey (*Meleagris gallopavo*). *Anim Biotech.* 14:119-131.
- Sunnucks P. 2000. Efficient genetic markers for population biology. *Trends in Ecology & Evolution*, 15, 199-203.



Memoria de resúmenes
6º Congreso Nacional sobre Conservación y Utilización de los Recursos Zoogenéticos

Trigueros C.J.C., López J.E., Camacho H.C. y Zavala M.G. 2003. Análisis molecular de dos poblaciones de guajolotes nativos mexicanos y una línea comercial de pavos por RAPD'S. *Técnica Pecuaria en México*, 41 (1): 111-120.