

EVALUACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA A TRAVÉS DE LA GENEALOGÍA EN CAPRINOS CRIOLLOS DEL OCCIDENTE VENEZOLANO: RESULTADOS PRELIMINARES

Marcano J.M.^{1*}, Chirinos Z.², Pariacote F.A.¹

¹Departamento de Producción Animal, Universidad Nacional Experimental Francisco de Miranda, UNEFM. Coro, Venezuela. *bovinologounefm@gmail.com.

²Departamento de Zootecnia. Facultad de Agronomía, Universidad del Zulia, LUZ. Zulia, Venezuela.

RESUMEN

El caprino Criollo es un grupo genético local venezolano originario de los caprinos hispanos traídos a la América durante la colonia y que ha sobrevivido por más de 500 años a las diferentes condiciones tropicales. El objetivo de este trabajo fue analizar preliminarmente la variabilidad genética del ganado caprino Criollo, basado en la información genealógica. Se analizó el pedigrí de 1201 animales (nacidos entre los años 1990 y 2000), pertenecientes a tres regiones del occidente venezolano y representativo de la población nativa criolla. Los datos fueron recolectados del proyecto para la conservación y mejoramiento de la población caprina nativa venezolana. Se utilizó el paquete informático ENDOG v4.8 para calcular todos los parámetros de variabilidad poblacional. El número efectivo de fundadores fue de 142 y el número efectivo de ancestros fue de 41 individuos. Solamente fueron necesarios 13 ancestros para explicar el 50% de la variabilidad genética del conjunto. Los valores promedio de consanguinidad media (F) y de la relación media (AR) fueron de 0,16% y 0,24% respectivamente. Considerando las subpoblaciones, la consanguinidad dentro y entre ellas fue baja. El intervalo generacional y la edad en años cuando nace el primer hijo tuvo valores medios de $3,5 \pm 0,01$ y $3,8 \pm 0,07$ respectivamente, y los valores mayores fueron para la vía padre-hija $4,2 \pm 0,3$ y $4,9 \pm 0,14$ años, respectivamente. Estos resultados son preliminares y la información genealógica incompleta, no permitió la inferencia exacta y aproximación a valores reales de los parámetros de la población. El trabajo realizado representa un avance hacia un manejo eficiente y conservación del caprino criollo.

Palabras clave: Ancestros; Fundadores; Intervalo generacional; Parámetros poblacionales.

EVALUATION OF GENETIC VARIABILITY BASED ON THE GENEALOGY IN CREOLE GOATS ON THE WEST OF VENEZUELAN: PRELIMINARY RESULTS

ABSTRACT

The Creole goat is a native local genetic Venezuelan group of Hispanic goats that were brought to America during the colonial times and it has survived for more than 500 years under different unfavorable conditions of the tropic.

The aim of this study was to analyze the genetic variability of Creole goats based on the genealogical information. Were analyzed pedigree of 1201 animals (born between years 1990 and 2000), belonging to three regions of the west of Venezuelan and representative of the native Creole population. Data was collected from the project for the conservation and improvement of the Venezuelan native goat population. The computer package ENDOG v4.8 was used to calculate the population demographic parameters. The effective number of founders was 142 and the effective number of ancestors 41. Only 13 ancestors were necessary to explain 50% of the genetic variability of the group. The average values of inbreeding (F) and average relatedness (AR) for the whole population were, 0.16 % and 0.24%, respectively. Considering subpopulations, consanguinity within and between them was low. The generation intervals and age in years when the first offspring was born had average values 3.5 ± 0.01 and 3.8 ± 0.07 and the highest values were for the father-daughter path of selection with 4.2 ± 0.3 and 4.9 ± 0.14 years, respectively. These results are preliminary and incomplete genealogical information did not allow the exact inference and approach to real values of the parameters of the population. The work represents progress towards efficient management and conservation of native goats.

Keywords: Ancestor; Founders; Generation interval; Population parameters.

INTRODUCCIÓN

El ganado caprino Criollo es una de las especies de animales que contribuye a la alimentación y economía humana en las zonas áridas y semiáridas del occidente venezolano (Falcón, Lara y Zulia). Estos animales son originarios de los caprinos hispanos traídos a la América durante la colonia, que han sobrevivido por más de 500 años a las diferentes condiciones desfavorables del trópico y son el resultado de cruces inespecíficos adaptados al medio. Esta especie no fue traída con fines meramente productivos, más bien como provisión de la tripulación y el desecho fue dejado en las Antillas, desde donde ingresaron a Venezuela por la Península de Paraguaná e Isla de Margarita (Aranguren-Mendez *et al.*, 2013).

La creciente demanda de bienes y servicios ha favorecido los intereses económicos, influyendo sobre los sistemas de producción con la intención de aumentar la productividad sin importar las consecuencias ambientales y sociales a largo plazo. En América Latina es una práctica común el cruzamiento usando germoplasma exótico para aumentar la producción de los grupos nativos, lo que no ha resuelto el problema productivo en ambientes tropicales (Pariacote, 2000). Algunos resultados experimentales indican que los grupos criollos producen por debajo de los niveles de los grupos exóticos, sin embargo esto no ha mejorado la competitividad de los sistemas de producción ya que la superioridad de los grupos recientemente introducidos tiende a disminuir con el tiempo aparte de que el uso masivo del germoplasma para el cruzamiento erosiona los recursos genéticos locales (Pariacote, 1992 & 2000). Es de hacer notar que la población nativa no ha sido seleccionada para producción y es manejada en sistemas extensivos, donde no se proveen las condiciones necesarias para que los animales con mayor capacidad genética la expresen: también es probable que la selección aplicada por los productores sin el debido asesoramiento genético y el uso impropio de los reproductores contribuyan a incrementar la homocigosis en menoscabo de la producción, esta, debido a deriva genética puede diferir en magnitud y dirección entre sub poblaciones produciendo un efecto deletéreo (Pariacote *et al.*, 2002). El análisis de la variabilidad de los rebaños y poblaciones es importante ya que provee información que promueve la toma de decisiones cuando se desee dirigir y planificar los apareamientos. Siendo el caprino Criollo un grupo genético primordial para el desarrollo productivo de Venezuela y con características de importancia que lo catalogan como un material a ser utilizado en programas de conservación y mejoramiento animal, el objetivo de la investigación fue analizar la variabilidad genética en el caprino criollo basado en la información genealógica.

MATERIALES Y MÉTODOS

Los datos fueron recolectados del proyecto para la conservación y mejoramiento de la población caprina nativa venezolana (Pariacote *et al.*, 1999). Se analizaron genealogías de 1201 animales caprinos criollos, nacidos entre los años 1990 y 2000. Las regiones geográficas consideradas fueron Paraguaná, Pedregal y Aregue con una distancia media de 250 Km aproximadamente entre ellas, localizadas a altitudes de 20, 250, y 600 msnm respectivamente, en ambientes áridos con vegetación característica de monte espinoso tropical y cierta variación en densidad entre regiones, precipitaciones entre 400 y 700 mm/año, temperaturas entre 24 y 35°C media anual. El manejo de los rebaños es extensivo con tendencia al autoconsumo y subsistencia (Blanchard, 2002; Mellado, 2008). Los datos

trabajados fueron recolectados en el marco de un proyecto para la conservación y mejoramiento de la población caprina nativa de pastoreo común y encierro diario. La fracción directa de genes criollo promedio calculada en los rebaños fue de 95%, estimada mediante la metodología usada por Ruiz *et al.*, (2002). El principal producto es la carne, con tendencia a ordeñar dependiendo del grado de mestizaje. La orientación económica es mayoritariamente hacia la subsistencia. Los rebaños fueron visitados una vez al mes y en cada visita los técnicos registraron los sucesos y cambios ocurridos en el lapso de 10 años.

La variabilidad genética fue calculada mediante los parámetros poblacionales: coeficiente de consanguinidad F_x (probabilidad que el individuo tenga en un locus tomado al azar, dos alelos idénticos por ascendencia); el coeficiente de relación (AR) que significa la probabilidad de que un alelo tomado al azar de la población pertenezca a ese animal; número de generación al cual pertenecía el individuo, calculada como la suma de $(1/2)^n$ donde n es el número de generaciones que separan al individuo de cada antecesor conocido. La estimación de estos parámetros permitió luego calcular el tamaño efectivo de la población (N_e) como $N_e = 1/2 \Delta F$ donde ΔF indica la tasa de incremento en la consanguinidad. Siguiendo la metodología descrita por (Boichard *et al.*, 1997), se calculó el número efectivo de fundadores (f_e) que representa el número de fundadores responsables de la diversidad genética de la población de referencia si ellos hubieran contribuido igualitariamente a la descendencia, el número de ancestros (f_a) se interpreta como el mínimo número de fundadores que explica la diversidad genética completa de la población y la pérdida de variabilidad genética provocada por los cuellos de botella que se producen por el desbalance en el uso de los reproductores si los hubiera. Se estimó el intervalo entre generaciones (IG) y la edad promedio (Ep) de los padres al nacimiento de sus hijos que se usaran posteriormente como reproductores o no y por último se analizaron las subpoblaciones por área geográfica. Todos los análisis se realizaron empleando el programa ENDOG v4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la tabla I, se presentan los parámetros descriptivos de la genealogía analizada por el programa ENDOG v4.8. La población en estudio constó de 1201 individuos. Respecto a los fundadores se determinó que el número de animales en la población de referencia (son los individuos de los que se conocen al menos un padre) fue de 1059, mientras que el número de animales en la población base (un solo padre conocido o medio fundador) fue de 852. El tamaño efectivo de la población fue de 472 individuos. El número efectivo de animales fundadores fue de 142 (individuos a los que solo se le conocen ambos padres) y de ancestros que

contribuyeron a la formación de la población de referencia fue de 127, mientras que el número efectivo de ancestros fue 41, de hecho solamente 13 ancestros fueron necesario para explicar el 50% de la variabilidad genética de esta población. Estos resultados señalan que solamente fueron utilizados muy pocos machos en la reproducción. Sin embargo, debemos considerar que tenemos un alto porcentaje de animales que no se les conoce su pedigrí lo cual es típico en poblaciones que carecen en sus inicios de registros completos (Chirinos *et al.*, 2007).

Tabla I. Parámetros poblacionales obtenidos en el ganado Caprino Criollo (*Populations demographic parameters obtained in creole goats*)

Parámetros	valor
Número total de animales	1201
Población de referencia	1059
Población base	852
Número efectivo de fundadores (f_e)	142
Número de ancestros (100%)	127
Número de ancestros que explican el 50% de la variabilidad genética	13
Número efectivo de ancestros (f_a)	41
Consanguinidad media % (F)	0,16
Relación media % (AR)	0,24

En aquellas razas de censos minoritarios, cuando la genealogía son incompletas y de escasa información, el tamaño de la población fundadora puede ser mayor que la población de referencia, debido a que animales con ancestros desconocidos se convierten automáticamente en animales fundadores (Gutiérrez *et al.*, 2003). Tanto el número efectivo de fundadores considerablemente menor al número a la población de referencia o base, como el número efectivo de ancestros menor al número efectivo de fundadores son indicadores de un desbalance en el total de animales que contribuyeron equitativamente al origen del material genético de la población. Esta situación resulta del uso preferencial de determinados reproductores, y es consistente con la subsecuente pérdida de material genético en la población además, el análisis de los parámetros de probabilidad de origen de los genes demuestra que el número efectivo de fundadores y de ancestros es pequeño, indicando una base genética estrecha. Según Boichard *et al.*, (1997), los resultados poblacionales que provienen del cálculo de probabilidad de origen de los genes son más eficientes en determinar la variabilidad genética pero son menos sensibles a la pérdida de información en los datos genealógicos.

El estudio del nivel de consanguinidad en una población es de enorme importancia porque nos permite visualizar la estructura interna de una población (Chirinos *et al.*, 2007). Los parámetros que miden consanguinidad (F y AR), resultaron bajos (0,16% vs. 0,24 %), al considerar que los niveles críticos de consanguinidad son del 12,5% pero, al determinar que la consanguinidad es poca y asociado con un coeficiente de relación mayor a ella, pueden indicar una subestimación de los parámetros; probablemente derivados de la calidad pobre del pedigrí. Este comportamiento puede ser explicado debido a que en esta población los rebaños se encuentran dispersos y no hay interconexión, aunque el nivel de consanguinidad actual no contempla más allá de donde se iniciaron los registros. El coeficiente AR sirve para estimar la consanguinidad a largo plazo originada por el hecho de utilizar un reproductor. Independientemente de que un animal tenga un coeficiente de consanguinidad muy alto porque sus padres tengan antepasados comunes, un coeficiente AR bajo significa que un animal comparte un porcentaje pequeño de genes con el resto de la población, por lo que será fácil encontrar individuos con los que pueda aparearse sin crear consanguinidad en los futuros descendientes (Goyache *et al.*, 2010).

En la tabla II se presenta los resultados del análisis de consanguinidad para subpoblaciones por área geográfica, donde se observa el parámetro F_{st} que representa el estadístico que mide la reducción promedio de la heterocigosis de una subpoblación relativa de la población total, por causa de deriva genética entre sub poblaciones, este valor $F_{st} = 0,002$, indica que existe poca diferenciación entre subpoblaciones y una escasa variabilidad total; tal vez refleje mejor una pobre identificación de paternidades y consecuentemente subestimen el parámetro. Esta aseveración es corroborada cuando observamos el valor de distancia de Nei y parámetros de consanguinidad. El cociente entre el incremento en consanguinidad y el incremento en coascendencia es un indicador intuitivo del grado de subdivisión de una población cuando se evalúan en diferentes periodos.

Tabla II. Análisis de consanguinidad para subpoblaciones por área geográfica (*subpopulations inbreeding analysis by geographic area*)

Parámetros	valor
Subpoblaciones	3
Coascendencia media dentro de las subpoblaciones	0,003
Autocoascendencia	0,500
Consanguinidad	0,001
Distancia de Nei (1987)	0,002
F_{st}	0,002
Coascendencia media en la población	0,01

El intervalo generacional para las distintas vías y la edad media en años al nacimiento de la primera cría se muestran en la tabla III. El intervalo generacional medio en la raza se situó en $3,5 \pm 0,1$ años siendo mayor por la vía padre que por la vía madre. El intervalo generacional más prolongado fue para la vía padre-hija ($4,2 \pm 0,3$ años). Este parámetro se corresponde con el tipo de explotación extensiva y manejo cuyas características de producción son tiempo excesivo de la cabra para la producción de la primera cría, marcada estacionalidad de la producción e intervalos entre partos prolongados (Mellado, 2008). Los intervalos generacionales son importantes, ya que reflejan la permanencia del individuo en el rebaño y esto puede dar una idea de cuánto puede influir un reproductor en la variabilidad genética de una población o subpoblación. La edad promedio del rebaño cuando nace su primera cría es de $3,8 \pm 0,07$ años, siendo el mayor valor para la vía padre-hija con $4,9 \pm 0,14$ años; lo que indica que posiblemente los individuos permanecen muchos años en el rebaño, aunque en este estudio no se observó reflejado como coeficientes de consanguinidad y parentesco altos para la población o sub poblaciones evaluadas. Sin embargo, en razas cuyos censos están formados por animales fundadores cuya carrera reproductiva registrada suele empezar en edades tardías los valores del intervalo entre partos pueden estar sesgados y conviene considerar los calculados utilizando exclusivamente la cría de animales no fundadores. Los intervalos para producir un semental son siempre más cortos que para producir una hembra reproductora independientemente de considerar la vía madre o padre; caracterizando un sistema de selección que da gran importancia a la reposición de hembras (Goyache *et al.*, 2010).

Tabla III. Intervalo generacional (en años) para distintas vías y edad media (en años) cuando nace la primera cría en poblaciones de ganado caprino criollo (*Generational intervals in years for different selection path and mean age in years when offspring is born in populations of creole goats*)

Vía	Intervalo	EE	1ra cría	EE
Padre - - hijo	3,0	$\pm 3,0$	4,8	$\pm 0,22$
Padre - hija	4,2	$\pm 0,3$	4,9	$\pm 0,14$
Madre - hijo	2,7	$\pm 1,3$	3,2	$\pm 0,14$
Madre - hija	2,8	$\pm 0,3$	3,3	$\pm 0,09$
Promedio	3,5	$\pm 0,1$	3,8	$\pm 0,07$

CONCLUSIONES

Los coeficientes de consanguinidad F y parentesco AR son bajos para la población y subpoblaciones en estudio, aunque tal efecto posiblemente sea subestimado debido a genealogía incompleta. La información genealógica incompleta, no permitió la inferencia exacta y aproximación a valores reales de los parámetros de

la población. Los resultados obtenidos en este trabajo son iniciales y se requiere incluir genealogías más completas en el futuro para determinar realmente el curso de la variabilidad genética en el caprino criollo venezolano. Se recomienda profundizar estos estudios mediante análisis molecular, a fin de estimar los niveles reales de consanguinidad en la población.

BIBLIOGRAFÍA

- Aranguren-Méndez, J; Portillo-Ríos, M; Rincón, X; Martínez, A; Dickson, L; D'Aubeterre, R.2013.Diversidad genética en la cabra criolla venezolana mediante análisis con microsatélites. Revista Científica. 3: 238-244.
- Blanchard, N. 2002. El desarrollo caprino en Venezuela ¿utopía o realidad?. IX Congreso venezolano de producción e industria animal. Trujillo, Venezuela.1-10.
- Boichard, D.; Maignel, L.; Verrier, E.1997.The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genet. Sel. Evol, v. 29, n. 1, p. 5 – 23.
- Chirinos, Z., Contreras, G., Zambrano, Z., Molero, E., Páez, A.2007. Estudio de la variabilidad genética en el ganado a través de la genealogía Criollo Limonero: resultados preliminares. VIII Simposio Iberoamericano de Conservación y Utilización de los Recursos Zoogenéticos. Red XII-H del CYTED y Universidad Técnica Estatal de Quevedo. Quevedo, Ecuador,.301-304.
- Goyache F., Fernández I., Espinosa M.A., Payeras L., Pérez-Pardal L., Gutiérrez J.P., Royo L.J., Álvarez I. F.2010. Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina. ITEA, Vol. 106 (1), 3-14.
- Gutiérrez, J. P., Goyache, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. J. Anim. Breed. Genet. 122: 172 – 176.
- Gutiérrez, JP, Altarriba, J, Díaz C, Quintanilla AR, Cañón J, Piedrahita J. 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. Genet Sel Evol, 35: 43-64.
- Mellado, M.2008.Técnicas para el manejo reproductivo de las cabras en agostaderoTropical y Subtropical. Agroecosystems, 9: 47-63.
- Pariacote, F. A. 1992. Productividad de la cabra nativa Alpina, Nubian y sus cruces en venezuela. Arch. Zootec. 41: 154(extra) 556-562.
- Pariacote, F. A., D'Asencio, D.,Borges, C.,Moron, W.,Toledo, R.,Borges, C.,Monasterios, I.1999.Proyecto FF0798. Programa para el mejoramiento genético de la población caprina nativa. Programa Caprino Nacional. FUNDACITE Falcón. Mem. 2:56-63.
- Pariacote, F. A.2000.Riesgos de extinción del conglomerado nativo de genes bovinos en América Latina: caso Venezuela. Arch. Zootec. 49: 17-26.
- Pariacote, F. A., D'Asencio, D.,Borges, C.,Moron, W. 2002. Características de la cadera de tres subpoblaciones de caprinos criollos venezolanos: resultados preliminares. Arch. Zootec. 51: 265-270.
- Ruiz, L.,Pariacote, F.,Pimentel, X.2002. Frecuencia de partos por mes y área geográfica en sistemas extensivos caprinos. Revista Científica (LUZ) Vol. XII-Suplemento 2.416-418.