

## CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA POBLACIÓN AVÍCOLA RUSTIPOLLOS EMPLEANDO MARCADORES MICROSATÉLITES

Castro Rojas L.<sup>1\*</sup>, P. Pérez Estigarribia<sup>2</sup>, E. Lasagna<sup>3</sup>, S. Ceccobelli<sup>3</sup>, J. Quiroz<sup>4</sup>, S. Diaz<sup>5</sup>, N. Méndez<sup>1</sup>, J. Fernández<sup>1</sup>, E. Camacho Vallejo<sup>6</sup>, A. Martínez Martínez<sup>7</sup>, G. Iglesias<sup>8</sup>.

<sup>1</sup> Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay; <sup>2</sup> Facultad Politécnica, Universidad Nacional de Asunción, P.O.Box: 2111, San Lorenzo, Paraguay; <sup>3</sup> Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali, Università degli Studi di Perugia, Italia; <sup>4</sup> Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, Huimanguillo, Tabasco, México; <sup>5</sup> Instituto de Genética Veterinaria "Ing. Fernando Noel Dulout", CONICET, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata, Argentina; <sup>6</sup> Centro IFAPA Alameda del Obispo, Córdoba, España; <sup>7</sup> Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, España; <sup>8</sup> Escuela de Veterinaria y Producción Agroindustrial, Carrera de Veterinaria, Sede Alto valle y Valle Medio, Universidad Nacional de Río Negro, Argentina. \*E-mail: lcastro@vet.una.py

PROGRAMA PROCIENCIA – CONVOCATORIA 2015- PROYECTO PINV15-54

### INTRODUCCIÓN

La población Rustipollos doble propósito, huevo y carne, fue originada por cruzamientos dirigidos en el año 2001 en la División de Avicultura de la Facultad de Ciencias Veterinarias, siendo en la actualidad el único núcleo existente en Paraguay.



La caracterización molecular por microsatélites es una herramienta útil para el establecimiento de programas de conservación y mejoramiento animal.

### OBJETIVO GENERAL

El objetivo de este trabajo fue determinar la diversidad y estructura genética de los Rustipollos, comparando con ocho razas y/o líneas de referencia.

### MATERIALES Y MÉTODOS

Fueron analizadas 322 muestras de sangre de nueve poblaciones: Rustipollos (RUS), Andaluza Azul (AAZ), Brahma (BRH), Combatiente Español (CES), Cornish (COR), Leghorn (LEG), Nigeriana (NIG), Línea Parrillera Cobb (COB) y Plymouth Rock Blanca (PRB), utilizando 30 marcadores microsatélites recomendados por la FAO-ISAG<sup>1</sup>. Los datos de parámetros poblacionales que describen la diversidad genética, equilibrio de Hardy Weinberg y Coeficiente de Endogamia ( $F_{IS}$ ) se estimaron usando los software Cervus 3.01<sup>2</sup>, GENEPOP versión 4.0<sup>3</sup> y GENETIX versión 4.05<sup>4</sup>. La estructura poblacional fue determinada con el método de STRUCTURE 2.3.4<sup>5</sup> y el Análisis Discriminante de Componentes Principales (DAPC)<sup>6</sup> con el adegnet R versión 3.3.2<sup>7</sup>.

### RESULTADOS

Tabla 1. Población, identificación de la muestra, media del número de alelos, Heterocigosis Esperada, Heterocigosis Observada, desvío del Equilibrio de Hardy-Weinberg y Coeficiente de Endogamia.

POBLACIÓN	ID	MUESTRA	MNA*	H <sub>e</sub>	H <sub>o</sub>	dHWE**	F <sub>IS</sub>
Rustipollos	RUP	50	3.30 (1.06)	0.53 (0.027)	0.51 (0.013)	3	0.03952
Andaluza Azul	AAZ	55	4.57 (2.10)	0.45 (0.045)	0.41 (0.012)	8	0.10369*
Brahma	BRH	10	4.33 (1.69)	0.69 (0.026)	0.62 (0.029)	1	0.10962
Combatiente Español	CES	45	5.00 (2.41)	0.47 (0.042)	0.41 (0.013)	7	0.13741*
Cornish	COR	26	4.73 (2.18)	0.58 (0.034)	0.48 (0.018)	2	0.17290*
Leghorn	LEG	49	3.17 (1.42)	0.38 (0.044)	0.42 (0.013)	9	-0.10785
Nigeriana	NIG	50	6.13 (3.18)	0.60 (0.027)	0.52 (0.013)	6	0.12299*
Línea Parrillera Cobb	LPC	25	3.90 (1.37)	0.56 (0.031)	0.56 (0.018)	0	-0.01654
Plymouth Rock Blanca	PRB	12	2.73 (1.01)	0.41 (0.041)	0.41 (0.026)	1	0.00061
Media			4.21 (1.82)	0.52 (0.035)	0.48 (0.017)		

\*MNA: Media de número Medio de Alelos  
\*\*dHWE: Número de locus con desvío en el equilibrio de Hardy-Weinberg.  
\*Significativamente diferente de cero (p<0.05)

Se observaron desviaciones en el equilibrio de HWE en todas las poblaciones, excepto en la LPC. El coeficiente medio de consanguinidad ( $F_{IS}$ ) en la población Rustipollos fue bajo pero positivo (0.04).

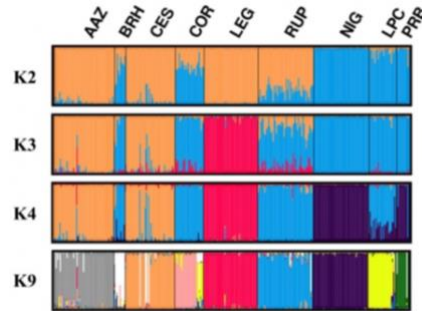


Figura 1. Asignación de individuos a cada grupo, para las nueve poblaciones avícolas con STRUCTURE.

El análisis de estructura poblacional y reasignación individual indicó la existencia de al menos cuatro acervos genéticos bien diferenciados, como se observó en la Figura 1.

Sin embargo, otros cinco acervos presentan mezclas genéticas diferentes dentro de la población estudiada. Esto se confirmó con el Análisis Discriminante de Componentes Principales, donde la raza RUS es distinta a las demás.

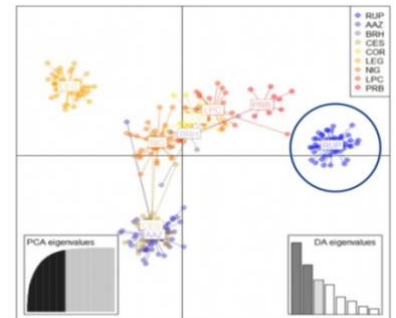


Figura 2. Asignación de individuos a cada grupo, basados en análisis DAPC.

### CONCLUSIONES

Los resultados de este estudio destacan la importancia de salvaguardar la población local Rustipollos y, además facilitará la aplicación futura de un programa adecuado de manejo genético.

### REFERENCIAS

- FAO. (2011). Molecular genetics characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines. N° 9. Rome.
- Kalinowski, ST, Taper, ML & Marshall, TC. (2007). Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. Molecular Ecology 16: 1099-1106. <http://dx.doi.org/10.1111/j.1365-294x.2007.03089.x>
- Raymond M. & Rousset F. (1995) An exact test for population differentiation. Evolution. 49, 1280-83.
- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., Bonhomme, F. (1996-2004). GENETIX 4.05. logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions: CNRS UMR 5000. Université de Montpellier II, Montpellier, France.
- Pritchard J.K., Stephens M., Donnelly P. (2000) Inference of population Structure using multilocus genotype data. Genetics 155, 945–59.
- Jombart T. Adegnet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. Bioinformatics. 2008; 24: 1403–1405.
- R Core Team. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Available from: <http://www.R-project.org/> 2013.