

# **ANÁLISIS MITOCONDRIAL DE POBLACIONES CAPRINAS ESPAÑOLAS Y SUDAMERICANAS**

Marcel Amills<sup>1</sup>, Armand Sánchez<sup>1</sup>, Juan Capote<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, Bellaterra 08193

<sup>2</sup> Unidad de Producción Animal, Pastos y Forrajes, Instituto Canario de Investigaciones Agrarias, La Laguna, Santa Cruz de Tenerife

## **INTRODUCCIÓN**

El análisis filogenético de la región mitocondrial D-loop de más de 400 cabras de origen europeo, africano y asiático ha evidenciado la existencia de un bajo nivel de estructura filogeográfica (Luikart et al. 2001). Asimismo, el análisis de la varianza molecular (AMOVA) de dichas secuencias ha permitido determinar que tan solo un 20% de la varianza molecular corresponde a diferencias entre razas o entre continentes, mientras que el restante 80% es atribuible a diferencias entre individuos (Luikart et al. 2001). Una posible explicación para este bajo nivel de diferenciación interracial estaría relacionada con el transporte de cabras, desde tiempos muy remotos, en viajes exploratorios y rutas comerciales, hecho que habría facilitado la mezcla de razas localizadas en regiones geográficas distantes (Luikart et al. 2001). El análisis filogenético de secuencias mitocondriales correspondientes a razas caprinas españolas ha demostrado también la existencia de una baja estructura filogeográfica en razas pensinsulares, mientras que en las razas canarias el grado de estructuración es superior (Amills et al. 2004). Actualmente, se han descrito 5 haplotipos mitocondriales caprinos: A (cosmopolita), B (India, Pakistán, Mongolia, Malasia), C (Eslovenia, Suiza, Mongolia, India Pakistán), D (India, Pakistán) y E (India) (Luikart et al. 2001, Sultana et al. 2003, Joshi et al. 2004).

El objetivo del presente trabajo ha consistido en extender el análisis filogenético de la región D-loop a poblaciones caprinas criollas procedentes del continente americano. Existen abundantes evidencias históricas que señalan el archipiélago canario como un punto de abastecimiento de los barcos procedentes de Europa que viajaban hacia América del Sur. Los resultados del presente trabajo, por tanto, permitirían determinar si las razas canarias han tenido algún tipo de influencia en la génesis de las actuales razas americanas

## **MATERIAL Y MÉTODOS**

El material animal correspondiente a razas europeas, africanas y asiáticas se halla descrito en Amills et al. (2004). En el presente trabajo se han realizado extracciones de DNA de pelo de cabras criollas argentinas (N = 8), peruanas (N = 3) y cubanas (N = 5). El protocolo utilizado para extraer DNA del folículo piloso ha sido previamente descrito por Pfeiffer et al. (2004).

El protocolo de amplificación y secuenciación parcial de la región mitocondrial D-loop caprina se halla descrito en Amills et al. (2004). El análisis filogenético de las secuencias mitocondriales caprinas se realizó mediante el programa MEGA v2.1 (Kumar et al. 2001). Se construyó un árbol Neighbor Joining mediante la utilización de la distancia de Kimura de dos parámetros y la realización de 1000 réplicas mediante bootstrapping

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El árbol filogenético demuestra la existencia de una baja estructura filogeográfica en las poblaciones analizadas. Los valores de bootstrap (bt) en general son muy bajos. Se observan agrupamientos entre secuencias correspondientes a poblaciones geográficamente muy distantes p.e. Murciana y Tindouf (Argelia) con  $bt = 59$  y Cachemira (India) con Alpina y Saanen con  $bt = 69$ , mientras que muy frecuentemente individuos pertenecientes a una misma raza, país o continente no se agrupan juntos. Se observa un clúster con un valor altamente significativo ( $bt = 99$ ) correspondiente a la raza Majorera. Asimismo, el árbol evidencia la existencia de otro clúster que agrupa a individuos de las razas Palmera, Tinerfeña, Majorera, Criolla argentina y Criolla cubana. El valor  $bt$  de este clúster es muy bajo ( $bt = 17$ ), aunque en otro análisis realizado con un menor número de secuencias el valor  $bt$  fue notablemente mayor ( $bt = 54$ ). Esta discrepancia posiblemente se deba a que este clúster está respaldado por un bajo número de posiciones informativas. Sin embargo, y a pesar de la baja significación estadística, este agrupamiento es muy consistente independientemente de la metodología de análisis utilizada. Desde una perspectiva histórica este agrupamiento resulta de gran interés, ya que existen numerosas evidencias que demuestran que las Islas Canarias fueron un punto de avituallamiento de los barcos europeos que hacían la ruta de Las Indias y en donde se estibaba todo tipo de ganado (ovejas, cabras y cerdos) y diversas mercancías (Capote et al. 2004). Nuestros resultados sugieren que las cabras canarias han participado en la formación de las razas Criollas cubana y argentina. No obstante, la amplia distribución de las secuencias de cabras criollas en el árbol filogenético sugiere la influencia adicional de otras poblaciones caprinas en la formación de estas razas p.e. en el caso de las cabras Criollas cubanas se observa que agrupan con las cabras Sahélie de origen africano, indicando una posible influencia de las segundas sobre las primeras. Finalmente, cabe destacar que se ha observado un individuo de raza Malagueña (MAL C154) cuya secuencia mitocondrial diverge claramente del resto de secuencias. Ello se debe a que esta secuencia pertenece al haplotipo mitocondrial C, mientras que el resto de secuencias son de tipo A. Este resultado pone de manifiesto que la distribución geográfica del haplotipo C no es tan fragmentaria como pudiera parecer, aunque probablemente su frecuencia sea notablemente baja.

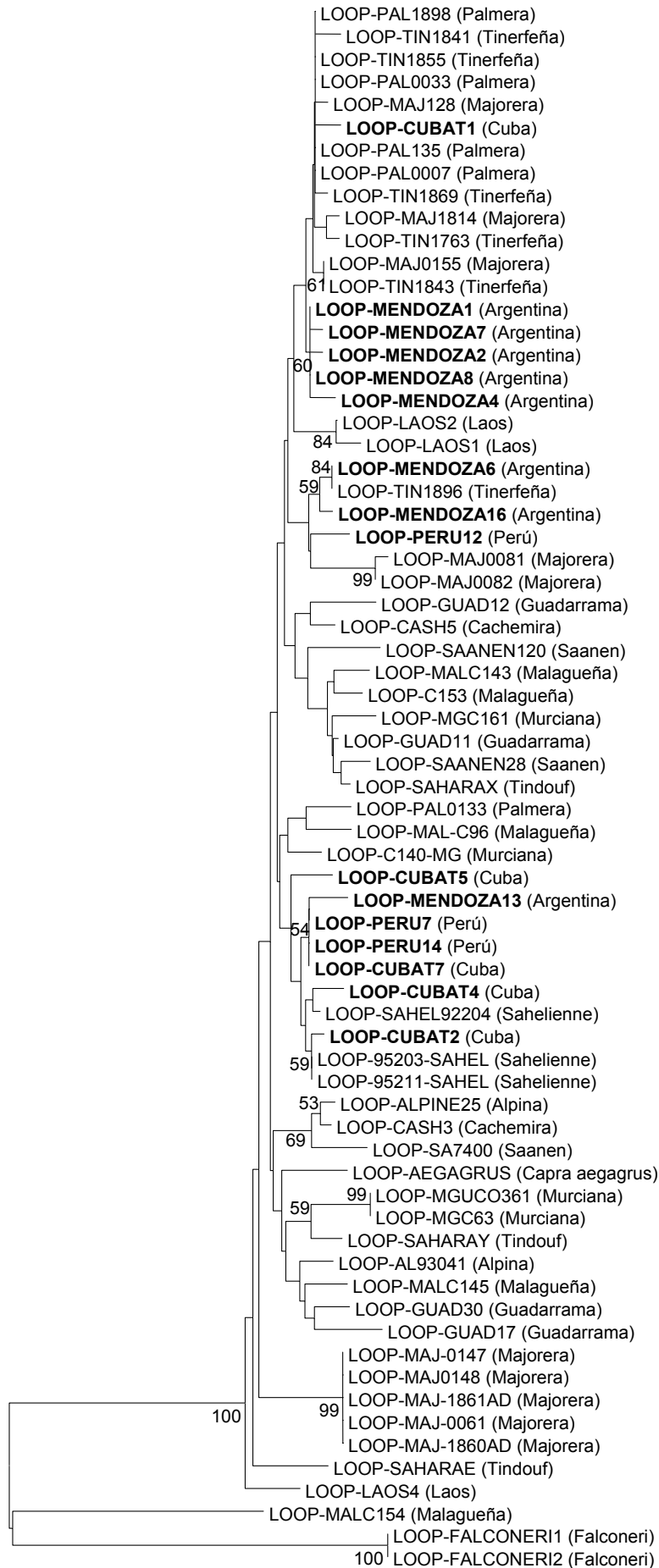
## AGRADECIMIENTOS

Agradecemos la colaboración de Liliana Allegretti, Vladimir Ribera, Norge Fonseca y Jose A. Atto Mendives en la recogida de muestras

## REFERENCIAS

- Amills et al. 2004. *J. Dairy Res.*
- Capote et al. 2004. *AGRI* 35: 49-60.
- Joshi et al. 2004. *Mol. Biol. Evol.* 21: 454-62
- Kumar et al. 2001. *Bioinformatics* 17 : 1244-5
- Luikart et al. 2001. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98: 5927-32
- Pfeiffer et al. 2004. *Forensic Sci. Int.* 141: 149-51.
- Sultana et al. 2003. *Anim. Genet.* 34: 417-21

Figura 1. Árbol NJ de secuencias mitocondriales D-loop correspondientes a razas caprinas españolas, sudamericanas, europeas, africanas y asiáticas



0.01