

CARACTERIZACIÓN DE LA RAZA VACUNA BALADI DEL ALTO EGIPTO MEDIANTE MICROSATÉLITES

Molina-Flores, B.^{1,2}, Landi, V.², Martínez, A.², Delgado, J.V.², Galal, S.³ y Abdelaziz, A.³

¹División de Producción y Sanidad Animal, FAO, Roma, Italia

Viale delle Terme di Caracalla. 00153 baldomero.molina-flores@fao.org

²Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, España

³Departamento de Genética, Universidad de Ain Shans, El Cairo, Egipto

⁴Proyecto hispano-egipcio para el desarrollo de la inseminación artificial en el vacuno del Alto Egipto, El Cairo, Egipto

INTRODUCCIÓN

Geográficamente el Alto Egipto, o *El-Saïd* (الصعيد) en árabe dialectal egipcio, corresponde a la región del Valle del Nilo y está constituido por siete departamentos o gobernaciones: Beni-Suef, El Minia, Asiuat, Sohag, Quena, Luxor y Asuán (MAEC, 2004). En esta región la raza vacuna autóctona se conoce popularmente como Baladi (بلدي), literalmente “del país”, pero en algunos casos también se la denomina Saïdi (صعيدى), habiendo algunos que la distinguen como una raza distinta (comunicación personal, 2009). Aunque no existen datos precisos sobre el censo real de estas razas, algunas fuentes estiman que existen una población de 7000 machos - 320000 hembras de raza Baladi y 15000 machos - 300000 hembras de raza Saïdi, ambas en detrimento (MALR, 1992). Tampoco se conoce con certeza cuál es la distribución real de estas razas. Según la bibliografía, la raza Baladi se localiza en la región del Bajo Egipto o El-Behira (البحيرى), concretamente en las zonas del norte y suroeste del Delta del Nilo, donde también se la suele designar con otros nombres como Menufi, Beheri y/o Beheiri. Por el contrario la raza Saïdi es originaria de las zonas del centro y sur del Alto Egipto. Algunas fuentes consideran ambas razas como una variedad de lo que se denominaría como raza Egipcia o Masri (مصري), y en el caso particular de la raza Saïdi con cierta influencia cebuina (DAD-IS, 2011). Por el contrario otros autores consideran que la raza Baladi también posee alguna ascendencia del cebú, aunque no mencionan la existencia de una raza/variedad Egipcia o Saïdi (Graml et al., 1986). Otros entienden que la raza Egipcia no es más que una “composición comercial” desarrollada a partir de las razas autóctonas de la región con proporciones variables de genética exótica (DAGRIS, 2009). Esta última afirmación tiene sentido si consideramos las recientes evidencias de genética molecular y arqueológicas que sugieren que el vacuno braquicero sin joroba (*Bos taurus*) del norte de África desciende evolutivamente del *B. taurus* de África del oeste y central, además de la influencia genética secundaria del *B. taurus* introducido desde Europa y Oriente Próximo (Hanotte et al., 2002; MacDonald, 2000). La distribución actual de las razas vacunas braquiceras sin joroba en el norte de África se extiende desde Egipto, a través de Libia, Túnez y Argelia, hasta Marruecos. Existen dos subgrupos de estas razas: el Egipcio y la Parda del Atlas. Así pues, el subgrupo racial Egipcio incluye razas como la Baladi y la Saïdi, entre otras (Maule, 1990). Debido a la extensión geográfica de la zona objetivo del estudio, especulamos que podría existir una gran diversidad genética en la región donde se llevó a cabo el muestreo, ya que no existe una estrategia de selección ni ningún movimiento comercial de sementales. De ahí que el objetivo del presente trabajo fue investigar la biodiversidad genética de la raza Baladi en la región del Alto Egipto y la estructuración de su población mediante el uso de marcadores microsatélites.

MATERIAL Y MÉTODOS

La selección de los animales muestreados se llevo a cabo en las siete gobernaciones del Alto Egipto (Beni-Suef, El Minia, Asiuat, Sohag, Quena, Luxor y Asuán). Se contó con la colaboración de los oficiales veterinarios de las Unidades Clínicas Veterinarias adscritas al “Proyecto hispano-egipcio para el desarrollo de la inseminación artificial en el vacuno del Alto Egipto”, a los cuales se les solicitó que seleccionaran, según su criterio personal, animales de raza Baladi de más de dos años de edad. El número de animales muestreados en cada unos de las gobernaciones se estableció de acuerdo al censo bovino de éstas. Con la ayuda de unas pinzas se tomo una muestra de pelo, asegurándose de que estas contuvieran el bulbo piloso, las cuales fueron almacenadas en sobres de papel debidamente identificados. Se recolectaron un total de 220 muestras que fueron analizadas posteriormente en el laboratorio del Departamento de Genética de la Universidad de

Córdoba (España) con 28 marcadores microsatélites recomendados por FAO/ISAG (2004), según el protocolo utilizado en Delgado et al. (in press). Otras muestra de razas internacionales (Frisona Holstein, Parda Alpina, Hereford y Cebúes Sudamericanos), procedentes de la base de datos del proyecto internacional de Biodiversidad Bovina Ibero-Americana (Biobovis, 2011), fueron incluidas para ser comparadas con las muestras de raza Baladi. Los diferentes alelos han sido visualizados mediante electroforesis en un secuenciador automático ABI 377XL (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA). El análisis de los fragmentos y la tipificación alélica se realizó mediante los programas informáticos Genescan Analysis® 3.1.2 y Genotyper® 2.5.2 respectivamente. Se calcularon las frecuencias alélicas, el número medio de alelos, y las Heterocigosis Esperada y Observada mediante el programa Microsatellite Toolkit® (Park, 2001). Los valores de FIS con un intervalo de confianza del 95% y el análisis factorial de correspondencia se han calculado con el programa informático Genetix® v. 4.02 (Belkhir et al., 2003) y la prueba de equilibrio Hardy-Weinberg (HW) mediante el programa Genepop® v. 3.1c (Raymond y Rousset, 1995), que aplica el test exacto de Fisher usando el método en cadena de Monte Carlo Markov (Guo y Thompson 1992). Se diseñó un árbol de distancias filogenéticas con el programa Treeview® (Page, 1996) sobre una matriz de distancias calculada con el software Population® (Langella, 1999).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los parámetros estadísticos indicaron un alto nivel de biodiversidad ($H_o: 0,70 \pm 0,02$; $H_e: 0,75 \pm 0,03$), siendo el número medio de alelos de 6,25. La población parece estar en bastante desequilibrio HW, probablemente debido a la gran extensión geográfica del origen de las muestras ($FIS= 0.08277$, $FIT= 0.09887$, $FST= 0.01755$). El análisis factorial de correspondencia (AFC) muestra un modelo genético homogéneo, los grupos de poblaciones de Beni-Suef y Asiut son los más heterogéneos. A través del AFC, en el que se incluyeron razas vacunas internacionales y cebúes sudamericanos, se observaron algunas influencias del *Bos indicus*, probablemente debido a la introgresión de este tipo de animales procedentes de otras partes de África y utilizado por su resistencia en climas cálidos. En el dendrograma de la raza Baladi se puede observar como ésta se sitúa en una posición intermedia entre los dos grupos de bovinos de referencia (*Bos taurus* y *Bos indicus*), lo cuál podría indicar un posible origen común de esta raza, fruto de una mezcla de genes adaptados al medio ambiente subtropical del Valle del Nilo. En el análisis AFC los dos ejes muestran un porcentaje de varianza molecular muy similar (4,61 y 3,39). Igualmente se observa una posición intermedia de la raza Baladi, si bien con una mayor fracción de individuos posicionados en el espacio correspondiente a Cebú, no obstante hay que tener en cuenta que las razas cebuínas utilizadas en el análisis son tipos seleccionados en ambientes tropicales americanos, lo que probablemente magnifica las diferencias genéticas. En conclusión, la raza Baladi aparece como una entidad racial homogénea y conserva una elevada variabilidad genética debido a la gran extensión geográfica que ocupa. Posteriores estudios filogenéticos se llevarán a cabo para una mayor comprensión de las relaciones genéticas con otras razas africanas.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Belkhir et al. 2003. Montpellier, France.
- Biobovis. 2011. <http://www.biobovis.jimdo.com>
- Blench, R.M. & Macdonald, K.C. 2000. University College London Press.
- DAD-IS. 2011. <http://dad.fao.org/en/home.htm>.
- DAGRIS. 2009. <http://dagrils.ilri.cgiar.org>
- Delgado et al. Anim. Genet. - in Press.
- FAO/ISAG. 2004. Proc. 29th Int. Conf. on Animal Genetics, Tokyo, Japan.
- Guo, S.W. & Thompson, E.A. 1992. Biometrics 48: 361-72
- Hanotte et al. 2002. Science 296: 336-339
- Langella, O. 1999. <http://www.bioinformatics.org>
- MAEC. 2004. <http://www.maec.es>
- MALR. 1992. FAO Breed Survey Central Administration for Animal Production, Egypt.
- Maule, J.P. 1990. University of Edinburgh, Great Britain.
- Nei, M. 1973. Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.: 3321-3.
- Page, R.D.M. 1996. The Biosciences 12: 357-8.
- Park, S.D.E. 2001. University of Dublin, Ireland.
- Raymond, M. & Rousset, F. 1995. J. Hered. 86: 248-9.

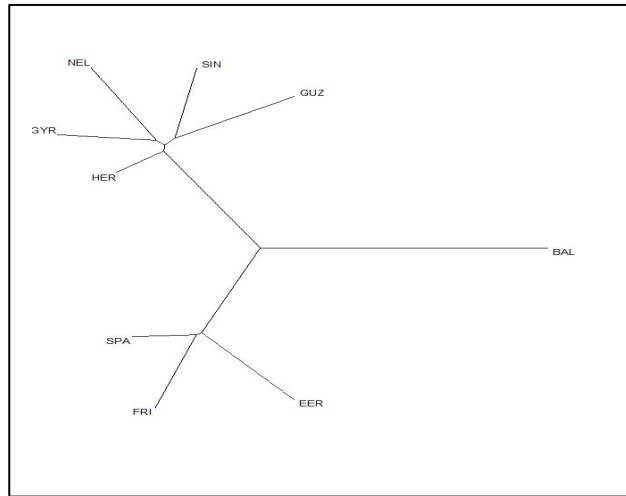


Figura 1. Dendrograma de las distancia filogenéticas (Nei, 1973)

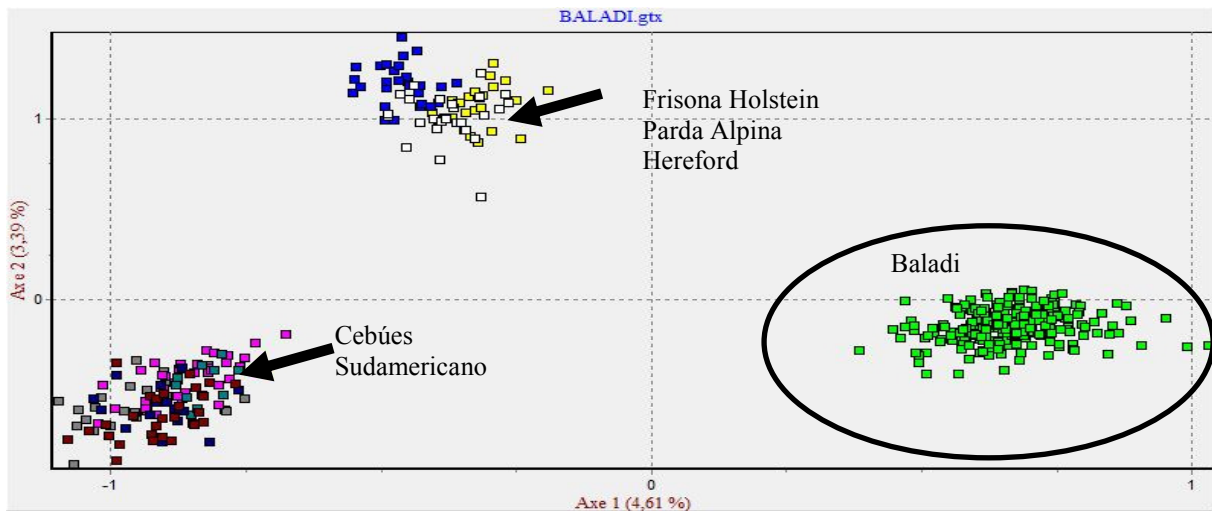


Figura 2. Análisis Factorial de Correspondencia (AFC)

CHARACTERIZATION OF THE UPPER EGYPT BALADI CATTLE ASSESTED BY MICROSATELLITES

ABSTRACT: The Baladi cattle breed is traditionally reared in the Upper Egypt. It is defined as Humpless Shorthorn cattle and appears to be similar in evolutionary descent with the Humpless Shorthorn cattle of western and central Africa. The genetics biodiversity of this breed and its population structure by microsatellites markers (28 STR loci) was investigated. The statistical parameters indicated a high level of biodiversity, being the average number of alleles of 6,25. The population appears to be quite in HW disequilibrium, probably due to extensive geographical distribution of samples. The AFC analysis showed a homogenous genetic pattern. The Bayesian assignment analyses, performed including international cattle breeds, confirmed some influences from *Bos indicus*.

Keywords: Egypt, baladi, cattle, microsatellites.