

ESTUDIOS GENÉTICOS MEDIANTE MICROSATÉLITES EN EL PAVO OSCENSE.

Monteagudo, L.V.², Avellanet, R.¹, Tejedor, M.T.² y Azón, R¹.

¹ Apabos (Asociación de Criadores de Pavo Oscense)

²Departamento de Anatomía, Embriología y Genética. Facultad de Veterinaria de Zaragoza. Miguel Servet 177. 50013-ZARAGOZA. E-mail: monteagu@unizar.es

INTRODUCCIÓN

En el Alto Aragón, existió la tradición de criar pavos en régimen extensivo, en bandos que, generalmente, pastoreaban los niños por prados y rastrojos. Esta modalidad de cría, que se mantuvo hasta hace unos 50 años, fue desapareciendo, quedando arrinconada también la población local de pavos. En el año 2001 se localizaron los últimos núcleos de estas aves, en varias comarcas de Huesca.

Se trata de un pavo de tipo antiguo y ligero, que ha sorprendido por su buen nivel de puesta y sus aptitudes maternales, tanto a la hora de incubar como a la de cuidar la pollada. El plumaje se asemeja mucho al de su antecesor silvestre americano, especialmente el de los pavipollos, de tipo críptico. La población actual presenta dos variedades de color: cobriza y plateada.

Es difícil cuantificar sus efectivos, aunque no superan los 250 reproductores. El grueso de la población está en manos de criadores de las comarcas de Hoya de Huesca, Monegros y Sobrarbe, así como en Zaragoza y Cataluña. El presente trabajo responde al Real Decreto 2129/2008, de 26 de diciembre (BOE del 27 de enero de 2009), por el que se establece el Programa Nacional de Conservación, Mejora y Fomento de las razas ganaderas y se fijan las normas básicas para abordar esta tarea y para redactar y aplicar los Planes de conservación y mejora de las razas en peligro de extinción. Con el objetivo de evaluar los niveles de variabilidad genética y de consanguinidad existentes en la población actual, la relación genética entre las diferentes explotaciones, y la posibilidad de identificar los diferentes individuos, hemos abordado el estudio en la misma de 10 marcadores genéticos microsátélites, en el que creemos primer estudio de estas características en esta especie en España.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se tomaron muestras estériles de sangre de 36 animales de la variedad cobriza y de 21 de la variedad Plateada, pertenecientes a 9 explotaciones, mediante punción en vena axilar, que se conservaron extemporáneamente en tarjetas Guthrie. Los marcadores RHT0216, ADL0023, TUM16, RHT0009, RHT0011, TUM20, RHT0294, RHT0131, RHT0095 y RHT0037 se amplificaron de acuerdo a las instrucciones publicadas por Burt et al. (2003). Tras la electroforesis capilar en un equipo MEGABACE 500 (Servicio de Secuenciación de ADN de la Universidad de Zaragoza), los resultados se analizaron mediante los softwares CERVUS (Análisis de variabilidad, contenido informativo de los polimorfismo y capacidad de exclusión de parentesco, Marshall et al., 1998), GENETIX (Análisis de Correspondencias factoriales, Belkhir et al., 1996) y STRUCTURE (Análisis de estructura de las población, Pritchard et al., 2000; Evanno et al., 2005).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Además de los marcadores reseñados en el apartado anterior, se descartaron RHT0153 y RHT0297, por presentar problemas de identificación de alelos y de presencia de alelos nulos. Los niveles de variabilidad observados se resumen en la Tabla 1.

No se han detectado problemas de consanguinidad en la población global (F_{IS} global = -0,008 NS, $p > 0,05$). Este hecho es de especial importancia de cara a confirmar la viabilidad de la población. Existen indicios de cruzamientos (exceso de heterocigotos) entre explotaciones, siendo el valor de F_{IS} promedio de -0.117** ($p < 0,01$). Sin embargo, estos cruzamientos no han conseguido homogenizar la población; se han obtenido indicios de diferenciación genética entre explotaciones, con un valor promedio de F_{ST} de 0.109** ($p < 0,01$). En las comparaciones entre pares de poblaciones, las poblaciones 2, 4 y 7 son las que dan más valores significativos de F_{ST} (5 valores significativos), seguidas por las poblaciones 8 y 9 F_{ST} (3 valores significativos de F_{ST}).

Los resultados del análisis factorial de componentes (FCA) se resumen en la Figura 1.

El análisis bayesiano de la estructura de la población realizado mediante el programa STRUCTURE muestra la existencia de dos clusters globales, y sus resultados pueden resumirse en la observación de la Figura 3 y de los siguientes datos: El 84,21% de los animales queda asignado a uno de los dos clusters y un 15,79 % de los animales serían mezcla de ambos clusters. En las explotaciones hay mezcla de ambos clusters, salvo en la nº7. Debe admitirse por este motivo que no hay una clara correspondencia entre cada una de las dos variedades de plumaje y alguno de los clusters identificados, por lo que no se trataría de dos poblaciones de orígenes diferentes. La abundante información disponible sobre la herencia del color del plumaje en la gallina indica que este se debe en muchos casos a la interacción entre un número muy reducido de loci, por lo que puede haber relaciones de parentesco de primer grado entre ejemplares que muestran coloridos a simple vista muy diferenciados.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Belkhir, K.P., Borsa, P., Goudet, P., Chikhi, L. & Bonhomme, F. 1996-1998. Disponible en <http://www.univ-montp2.fr/~genetix/genetix/genetix.htm> .
- Burt, D.W., Morrice, D.R., Sewalem, A., Smith, J., Paton, I.R., Smith, E.J., Bentley, J. & Hocking, P.M. 2003. Anim. Genet. 34:399-409.
- Evanno, G., Regnaut, S. & Goudet, J. 2005. Mol. Ecol. 14: 2611-2620.
- Marshall, T.C., Slate, J., Kruuk, L.E.B. & Pemberton, J.M., 1998. Mol. Ecol. 7:639-655.
- Pritchard, J.K., Stephens, M. & Donnelly, P., 2000. Genetics 155: 945-959.

Agradecimientos: Este trabajo ha contado con el apoyo económico de la Diputación Provincial de Huesca. Los autores manifiestan también su agradecimiento a la Asociación de Criadores (APAVOS), y en especial a los criadores que han colaborado dando acceso a la toma de muestras de sus animales.

Tabla 1. Parámetros de variabilidad genética. *K*: Número de alelos observado. *H (Obs)*: heterocigosidad observada. *H(Exp)*: heterocigosidad esperada. *PIC*: contenido informativo del polimorfismo. *Excl(1)*: probabilidad de excluir un progenitor incorrecto desconociendo el otro progenitor. *Excl(2)*: probabilidad de excluir un progenitor incorrecto conociendo el otro progenitor.

Locus	k	H (Obs)	H (Exp)	PIC	Excl (1)	Excl (2)
RHT0216	6	0.316	0.404	0.365	0.083	0.212
ADL0023	5	0.667	0.644	0.567	0.213	0.359
TUM16	4	0.482	0.535	0.424	0.142	0.231
RHT0009	2	0.175	0.161	0.147	0.013	0.074
RHT0011	4	0.536	0.568	0.469	0.161	0.271
TUM20	5	0.821	0.789	0.747	0.389	0.569
RHT0294	2	0.411	0.350	0.287	0.060	0.143
RHT0131	2	0.321	0.360	0.293	0.064	0.146
RHT0095	3	0.625	0.611	0.522	0.183	0.313
RHT0037	2	0.537	0.428	0.334	0.090	0.167
Media	3.500	0.487	0.485	0.415		
Potencia de exclusión total					0.795	0.953

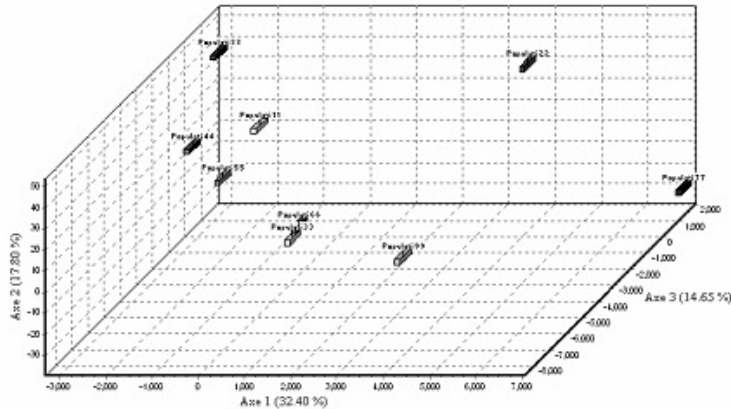


Figura 1. Representación gráfica en 3 dimensiones del análisis factorial de correspondencias. Cada población es representada por un punto. Se aprecia la existencia de diferenciación entre algunas poblaciones.

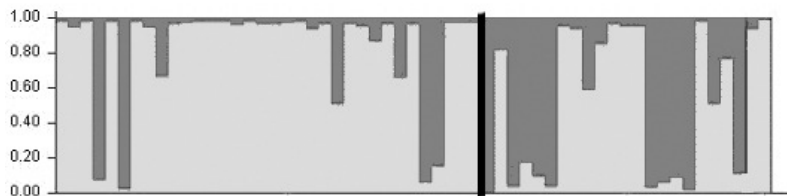


Figura 2. Representación gráfica del análisis de estructura de población mediante software Structure. Cada columna corresponde a un individuo, y la escala izquierda indica la probabilidad de cada individuo de pertenecer a cada uno de los clusters. Sólo los ejemplares que superan el 80% de probabilidad de pertenecer a un cluster se asignan al mismo, mientras que el resto se consideran mezclados. La línea negra vertical separa las explotaciones de las dos variedades. Nótese la mezcla de clusters presente en ambas.

GENETIC STUDIES IN THE OSCENSE TURKEY BY MEANS OF MICROSATELLITES. ABSTRACT

The endangered Oscense Turkey, a population from the Spanish northern province of Huesca, near the Pirineic Mountains includes two colour varieties (copper and silver). A set of 12 microsatellites DNA markers was pre-selected to study different genetic parameters of the population. Among them 10 were finally considered to provide valuable consistent reads and were used to estimate variability indexes. High significant global inbreeding was disregarded in the light of the results obtained (F_{IS} global = -0,008 NS, $p > 0,05$). Mean F_{IS} value was -0.117** ($p < 0,01$) and it pointed to the existence of crossings among individuals from different farms. The farms show some signs of genetic differentiation since the mean F_{ST} value is 0.109** ($p < 0,01$). These observations are confirmed by FCA analysis. Structure analysis points to the existence of two clusters, not biunivocally related to each variety, since all the flocks (except one) presented animals from both clusters, even if only one variety exists in each flock.

Keywords: Turkey, Oscense, DNA markers, microsatellites, population genetics.