

CARACTERIZACION GENETICA DE LA CABRA CRIOLLA NEUQUINA

Separata de Archivos de Zootecnia
Vol. 57, n°219,p.: 365-368, 2008-10-22

CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LA CABRA CRIOLLA NEUQUINA

GENETIC CHARACTERIZATION OF THE NEUQUEN CRIOLLO GOAT

Lanari, M.R.; Domingo, E. ; Gallo, L.

e-mail: mrlanari@bariloche.inta.gov.ar

INTA EEA Bariloche, CC277 (8400) Bariloche, Argentina

PALABRAS CLAVE ADICIONALES:

Raza local. Estructura genética. Diferenciación

ADDITIONAL KEYWORDS:

Local breed. Genetic constitution. Differentiation

RESUMEN

La Cabra Criolla Neuquina (CCN) se distribuye en la provincia de Neuquén (Patagonia, Argentina), Esta población se originó en las introducciones realizadas en el siglo XVII y recibiendo sucesivos aportes posteriores. La región se caracteriza por poseer condiciones ecológicas, históricas y culturales particulares y por tener un sistema de producción tradicional. La diferenciación fenotípica de la CCN sigue un patrón geográfico determinado por la selección hecha por los campesinos. Con el estudio de la constitución genética se busca conocer los otros factores que han actuado para conformar la raza. Para la caracterización genética se tomaron muestras de sangre de 972 caprinos representativos de la región. Se analizaron seis sistemas proteicos en sangre: albúmina (Al) y fosfatasa alcalina (Alp), hemoglobina (Hb), proteína X (PX), fosforilasa nucleosídica (NP) y enzima málica (ME), mediante electroforesis en gel de almidón. Sobre la base de las frecuencias alélicas se calcularon: diversidad, Heterocigosis observada y esperada. La CCN presenta alelos y fenotipos poco frecuentes en los sistemas Hb, Al y PX poniendo en evidencia la singularidad de esta población, que muestra asimismo una alta variabilidad genética. Queda demostrado que la CCN constituye una entidad genética particular, que se diferencia en subpoblaciones, definidas en principio por una mayor o menor grado de aislamiento reproductivo. Los elevados niveles de heterocigosis y diversidad presente son coherentes con la heterogeneidad fenotípica de la CCN.

SUMMARY

The Neuquen-Criollo Goat (CCN) is distributed in the province Neuquén (Patagonia, Argentina). This breed originated from animals introduced in the XVII Century have received the contribution of some others breeds. Particular geographical, social and cultural conditions as well as a traditional production system characterized the region. Phenotypic differentiation follows a geographical pattern determined by pastoral community selection. The study of the genetic constitution allows knowing other factors that have contributed to build up this breed. For the genetic characterization blood samples from 972 goats representing the studied region. Six protein and isozyme systems were analyzed by starch gel electrophoresis: Hemoglobin (Hb), Malic Enzyme (Me), Nucleosid Phosphorilase (Np), Albumin (Al), Alkalic Phosphatase (Alp) and X-Protein (XP). Based on the results allelic and genotypic frequencies were estimated: diversity, observed and expected Heterozygoty. The CCN population showed rare alleles and phenotypes in Hb, Al and XP, which evidence the distinctiveness of this population. Moreover a high variability, allelic and genotypic richness were verified. It was confirmed that the CCN constitutes a genetic entity that present subpopulation divergence. The high level of heterozygoty and the actual diversity are consistent with the observed phenotypic heterogeneity of this breed.

CARACTERIZACION GENETICA DE LA CABRA CRIOLLA NEUQUINA

INTRODUCCION

La Cabra Criolla Neuquina (CCN) se distribuye en la región norpatagónica argentina (71° a 69° Long. O - 36° a 38° Lat. S), Esta población se originó en las introducciones realizadas en el siglo XVII desde el Pacífico y recibió sucesivos aportes de las razas Toggenbug, Saanen, Anglo Nubian y Angora. La región ostenta dos sistemas montañosos como la cordillera de los Andes y del Viento, las diferencias ambientales y climáticas, una historia y cultura particulares así como el sistema de producción tradicional, extensivo y trashumante, han influido en la definición y diferenciación de esta población doméstica. Los antecedentes muestran que la población se ha diferenciado fenotípicamente siguiendo un patrón geográfico (Lanari, *et al.*, 2003).

MATERIAL Y METODOS

La caracterización genética fue realizada a partir de un extenso muestreo (n:972) individuos distribuidos en cuatro sub-áreas de la región norte de la provincia de Neuquén (Patagonia, Argentina). De cada individuo se obtuvieron muestras de plasma y lisado de eritrocitos. Se analizaron seis sistemas polimórficos de acuerdo a Menrad (1998), dos en plasma: albúmina (Al) y fosfatasa alcalina (Alp) y cuatro en lisado de eritrocitos: hemoglobina (Hb), proteína X (PX), fosforilasa nucleosídica (NP) y enzima mállica (ME), mediante electroforesis en gel de almidón al 12 %. Se calcularon las frecuencias alélicas y genotípicas para cada sistema. Se examinaron posibles desvíos con relación al equilibrio Hardy-Weinberg y la existencia de diferencias en las frecuencias alélicas entre subpoblaciones. Sobre la base de las frecuencias alélicas se calculó: diversidad, Heterocigosis observada y Heterocigosis esperada.

RESULTADOS Y DISCUSION

Los patrones encontrados muestran la particularidad de la Cabra Criolla Neuquina (CCN). Se encontraron seis fenotipos de Hb: AA, AB, BB, AD, BD, DD, que involucra los alelos Hb^A , Hb^B y Hb^D . Los patrones de ME encontrados en este estudio se corresponden con los descriptos como AA, AB, BB, BC y CC. Los alelos involucrados serían ME^A , ME^B

y ME^C . Este locus presentó gran variabilidad en todas las áreas. La PX presentó cuatro fenotipos, uno de los cuales, X1, X2, X1X2, X0, este último atribuible a un alelo nulo (X^0). En el caso de la fosfatasa nucleosídica (NP), se observaron dos fenotipos NPL y NPH. En el sistema Alp se presentó el fenotipo sin tinción correspondiente al alelo nulo (Alp^0) y bandas de mayor o menor longitud, atribuidas al alelo Alp^F . Por último en Al los fenotipos observados fueron: AA, AB, BB, BV y VV (**Tabla I**).

Tabla I: Frecuencias alélicas en la Cabra Criolla Neuquina, según sub-área (Allelic frequencies by sub-area).

L	Al	CCN	Área			
			B	A	P	MÑ
<i>Hb</i>						
	A	0.571	0.584	0.482	0.663	0.544
	B	0.373	0.373	0.380	0.296	0.424
	D	0.056	0.043	0.135	0.041	0.033
<i>Me</i>						
	A	0.156	0.217	0.128	0.198	0.074
	B	0.574	0.619	0.518	0.538	0.579
	C	0.270	0.164	0.354	0.265	0.347
<i>X*</i>						
	0	0.090	0.000	0.270	0.000	0.167
	1	0.288	0.161	0.350	0.491	0.261
	2	0.622	0.839	0.380	0.509	0.572
<i>Np*</i>						
	H	0.450	0.462	0.633	0.739	0.495
	L	0.550	0.538	0.367	0.261	0.505
<i>Al</i>						
	A	0.323	0.297	0.403	0.254	0.260
	B	0.535	0.610	0.492	0.550	0.563
	V	0.143	0.093	0.150	0.196	0.177
<i>Alp</i>						
	0	0.834	0.841	0.802	0.829	0.840
	F	0.166	0.159	0.198	0.171	0.160

L: Locus; Al: alelo; CCN: Cabra Criolla Neuquina; B: Barrancas; A: Añelo; P: Pehuenches; MÑ: Minas Norquin; *Valores estimados sobre la base de las frecuencias genotípicas.

La presencia de alelos poco frecuentes como Hb^D , PX^I y Al^V se presenta como la característica más destacable de la Cabra Criolla Neuquina. Se encontraron polimorfismo mayores y mayor extendido en todos los sistemas (**tabla I**). En la PX se encuentran los fenotipos dominantes (X^1 y X^2) en mayor proporción que el alelo recesivo nulo (X^0). Para los casos de ME, Alp y NP los resultados obtenidos son similares a los trabajos de referencia, apareciendo alelos nulos en Alp y Np en gran frecuencia. Las frecuencias alélicas (**tabla I**) mostraron diferencias significativas por sub-área. La subpoblación Añelo, se destaca de las restantes

Archivos de zootecnia vol 57, núm. 219, p366

CARACTERIZACION GENETICA DE LA CABRA CRIOLLA NEUQUINA

en las frecuencias alélicas de Hb^D (0.13), Hb^A (0.48), Np^H (0.66) y Alp^O (0.80).

Las frecuencias genotípicas obtenidas permiten establecer las características particulares de la CCN, así como diferenciar las sub-poblaciones que la constituyen. En la mayor parte de los loci co-dominantes (Hb , Al y ME) los genotipos heterocigotas fueron los más frecuentes. Considerando las sub-área se observaron genotipos exclusivos en Añelo para Hb ($Hb^B Hb^D$) y en Minas Ñorquín para Al ($Al^V Al^V$). Por otra las frecuencias genotípicas de las sub-áreas fueron significativamente diferentes en todos los sistemas (**Tabla II**).

La población presentó una diversidad genética (v) de 2.233 a través de todos los loci, siendo Añelo la sub-área con el valor más elevado de diversidad y Barrancas la de menor diversidad. Considerando cada locus individualmente Añelo presentó la mayor diversidad en Hb , PX y Alp , mientras que Pehuenches la mayor para el locus Al . Para la población de la CCN la heterocigosis observada (H_o) fue mayor a la esperada (H_e) en todos los loci por lo que el equilibrio Hardy-Weinberg no se cumplió para ningún de ellos. Únicamente el locus X en la sub-área Pehuenches ajustó al equilibrio.

Se han obtenido patrones electroforéticos diferentes a los señalados para los grupos raciales sugeridos como posibles antecesores de esta población en tres de los seis sistemas analizados (Hb , Al y PX). Por otra parte se confirman diferencias significativas en las frecuencias alélicas entre áreas, poniendo en evidencia el aislamiento reproductivo existente entre ellas. El alelo Hb^D es el más frecuente en las razas andaluzas actuales, en Angora y en razas del Himalaya, no presentándose en estas el alelo Hb^D (Tuñón *et al.*, 1989; Rodero *et al.*, 1997; Osterhoof, 1995; Menrad, 1998). García Casas *et al.* (1992) asocian la mayor frecuencia del alelo Hb^A con la adaptación a la altura. En el presente trabajo se confirmaría esta relación ya que la frecuencia de este alelo es media, siendo Añelo, sub-área de menor altitud (400 msnm) y la de menor frecuencia (Hb^A : 0.44). Las restantes sub-áreas, ubicadas a mayor altura (1100-1800 msnm) presentaron frecuencias mayores (Hb^A : 0.54 a 0.66), lo que supone por otra parte que sería afectado por la selección natural.

Tabla II: Frecuencias genotípicas en la Cabra Criolla Neuquina, por sub-área. (Genotypic frequencies by sub-area)

L	G	CCN	Área			
			B	A	P	MN
Hb	AA	0.203	0.202	0.138	0.354	0.140
	AB	0.630	0.678	0.479	0.545	0.742
	BB	0.057	0.034	0.133	0.023	0.052
	AD	0.105	0.086	0.229	0.074	0.066
	BD	0.001	0.000	0.005	0.000	0.000
	DD	0.004	0.000	0.016	0.004	0.000
Me	AA	0.064	0.067	0.083	0.100	0.023
	AB	0.184	0.299	0.101	0.196	0.104
	BB	0.363	0.393	0.325	0.333	0.365
	BC	0.238	0.152	0.290	0.212	0.324
	CC	0.151	0.089	0.201	0.158	0.185
X	$X^0 X^0$	0.031	0.000	0.078	0.000	0.028
	$X^1 X^1$	0.186	0.081	0.294	0.248	0.168
	$X^1 X^2$	0.366	0.327	0.300	0.486	0.274
	$X^2 X^2$	0.417	0.592	0.328	0.266	0.530
Np*	HH, HL	0.795	0.674	0.884	0.889	0.767
	LL	0.205	0.319	0.116	0.111	0.233
Al	AA	0.065	0.502	0.162	0.004	0.013
	AB	0.405	0.056	0.444	0.280	0.362
	AV	0.111	0.292	0.000	0.220	0.131
	BB	0.246	0.133	0.146	0.324	0.279
	BV	0.170	0.000	0.172	0.172	0.205
	VV	0.002		0.000	0.000	0.009
Alp*	FF, FO	0.304	0.296	0.348	0.244	0.281
	OO	0.696	0.704	0.652	0.756	0.719

L: Locus; G: Genotipo; CCN: Cabra Criolla Neuquina; B: Barrancas; A: Añelo; P: Pehuenches; MN: Minas Ñorquín.

En la CCN el alelo Hb^D presentó todos los genotipos posibles. En Criollos de Córdoba (Arg.) Deza *et al.* (2000) encuentran el alelo Hb^D aunque en baja proporción. Su presencia en la CCN pondría de manifiesto el aporte de razas lecheras a su acervo genético. La proteína X (PX) presentó variantes poco frecuentes y no reportadas en las posibles razas antecesoras (Tuñón *et al.*, 1989; Osterhoof, 1995; Menrad, 1998).

Por otra parte no se cuenta con referencias para este sistema en caprinos de Argentina. El sistema Al presentó del mismo modo una variante que sería similar a la que Menrad (1998) detectó en la población Bakerwalli de la India (Al^V). Los resultados de numerosos trabajos muestran al alelo Al^B como el más frecuente. En Criollos de Córdoba (Arg.) Al resultó monomórfico (Deza *et al.*, 2000). Por el contrario la CCN no sólo

CARACTERIZACION GENETICA DE LA CABRA CRIOLLA NEUQUINA

presentó un polimorfismo mayor extendido sino que se encontró una variante VV no descrita en la literatura de referencia. Las frecuencias observadas en los sistemas Alp, Me y NP guardan relación con las que reporta la literatura para la mayoría de las razas (Tuñón *et al.*, 1989; Menrad, 1998; Deza *et al.*, 2000).

Los elevados niveles de heterocigosis y diversidad presente son coherentes con la heterogeneidad fenotípica de la CCN (Lanari, *et al.* 2003). El presente análisis muestra la

particularidad genética de esta raza local de la Patagonia, que presenta una síntesis de diversos aportes a su constitución actual. Las subpoblaciones, definidas en principio por un mayor o menor grado de aislamiento reproductivo muestran a Añeb, al sudeste del área de distribución de la CCN, como un área de características particulares con relación a las restantes que forman un conjunto más homogéneo.

BIBLIOGRAFÍA

- Deza, C.; Pérez, G.T.; Varela, L.; Villar, M.; Rubiales, S.; Gardenal, C.N.; Barioglio, C. 2000 (b). Protein polymorphism in native goats from central Argentina. *Small Rum. Res.* 35 (3): 195-201.
- García Casas, C.; Moreno, A.; Capote, J.; de la Haba, M.R. 1992. Characterization of the Canary racial goat groups with erythrocyte genetic markers. *Small Rum. Res.* 7: 361-368.
- Instituto Nacional de Estadísticas y Censos - INDEC- 2003. *Censo Nacional Agropecuario 2002. Resultados Preliminares.*
- Lanari, M.R.; Taddeo, H.R.; Domingo, E.; Pérez Centeno, M.; Gallo, L. 2003. Phenotypic differentiation of exterior traits of Criollo Goat Population in Patagonia (Argentina). *Arch. Tierzucht Dumm.* 46 (4): 347-356.
- Menrad, M. 1998. *Populationsgenetische Untersuchungen bei nordindischen Ziegenrassen auf der Basis biochemischer Polymorphismen.* Dissertation. Univ. Hohenheim Fak. IV. Agrarwiss. II. Edt. Schaker Verlag Aachen. 117 p.
- Osterhoof, D.R. 1995. Studies on blood groups and biochemical polymorphism in goats. *Arch. Tierz. Dumm.* 38 (5): 553-561.
- Rodero, E.; de la Haba; M.R.; Rodero, A. 1997. Genetic study of Andalusian ovine and caprine breeds. *J. Anim. Breed. Genet.* 114: 143-161.
- Tuñón, M.J.; González, P.; Vallejo, M. 1989. Genetics relationship between 14 native Spanish breeds of goats. *Anim. Genet.* 20: 205-217.