

BIODIVERSIDAD DE RAZAS DE GALLINAS BASADA EN MICROSATÉLITES. RESULTADOS DEL PROYECTO AVIANDIV CON DOS RAZAS ESPAÑOLAS

J. L. Campo y M. G. Gil

Departamento de Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación Agraria y
Alimentaria, Apartado 8111, 28080 Madrid

INTRODUCCIÓN

Desde Darwin se ha aceptado que todas las razas de gallinas proceden del Red Jungle Fowl originario del sudeste de Asia (Crawford, 1990: *Poultry Breeding and Genetics*, Elsevier). Durante más de 8.000 años de domesticación, y en particular durante los últimos 200 años, se ha originado gran cantidad de diversidad genética en esta especie. Esta diversidad puede ser descrita a varios niveles, desde el fenotípico hasta el molecular. Alrededor de 2.000 marcadores a nivel DNA han sido descritos en gallinas (Groenen y col., 2000: *Genome Res.* 10, 137-147), y muchos de ellos ya han sido mapeados, cubriendo casi el 95% del genoma con un intervalo medio entre marcadores menor que 20 cM. Los más usados en estudios de diversidad son los microsatélites, compuestos de unidades repetidas de una a seis bases y con longitud variable (Tautz, 1989: *Nucl. Acids Res.* 17, 6463-6471). Estas variaciones en longitud son las que definen los alelos de un microsatélite determinado, y todos son altamente polimórficos. El objetivo general del proyecto AVIANDIV era estimar la variación genética entre y dentro de 43 razas de gallinas y evaluar diversas cuestiones relacionadas con la estimación de la diversidad. En el proyecto, coordinado por S. Weigend, han intervenido 8 grupos y 14 subgrupos de investigación de diversos países europeos, entre ellos el Departamento de Genética del INIA.

MATERIAL Y MÉTODOS

Las razas analizadas se indican en la Tabla 1 así como el tipo de las mismas. El Tipo 1 incluye dos poblaciones de Red Jungle Fowl (*Gallus gallus*) capturadas en Tailandia. El Tipo 2 incluye cuatro poblaciones que no han sido seleccionadas para ningún carácter. El Tipo 3 incluye 19 razas seleccionadas para caracteres morfológicos. El Tipo 4 incluye 18 líneas seleccionadas para caracteres productivos. Se tomaron muestras de sangre de 50 animales de cada raza y se prepararon 43 "pools" de DNA (Crooijmans y col., 1996: *Poult. Sci.* 75, 904-909) con dichas muestras que se genotiparon para 22 microsatélites repartidos por todo el genoma. El genotipado se realizó en el laboratorio de M. Groenen en Wageningen.

Una estima de la heterocigosis (H) se calculó para cada locus y para cada raza, asumiendo equilibrio Hardy-Weinberg para los genotipos de los j alelos de cada locus. Para el locus i : $H_i = 1 - \sum (p_i)^2$, donde p_i son las frecuencias alélicas observadas. Se calcularon tres estimas de la distancia genética usando los datos de frecuencias alélicas. La distancia genética de Nei (Nei, 1972: *Am. Nat.* 106, 283-292) es: $-\ln [\sum \sum p_{1mi} p_{2mi} / (\sum \sum p_{1mi}^2)^{0.5} (\sum \sum p_{2mi}^2)^{0.5}]$, donde p_{1mi} y p_{2mi} son las frecuencias del alelo i en el locus m de las razas 1 y 2, respectivamente. La distancia de Reynolds (Reynolds y col., 1983: *Genetics* 105, 767-779) es: $\sum \sum (p_{1mi} - p_{2mi})^2 / 2 \sum (1 - \sum p_{1mi} p_{2mi})$. La distancia de Cavalli-Sforza (Cavalli-Sforza y Edwards, 1967: *Am. J. Hum. Genet.* 19, 233-257) es: $4 \sum (1 - \sum p_{1mi}^{0.5} \sum p_{2mi}^{0.5}) / \sum (a_m - 1)$, donde a_m es el número de alelos en el locus m . En las tres

estimas, la divergencia entre razas es debida a deriva. Para cada raza se calculó la distancia genética media con todas las restantes (μ), así como la desviación típica correspondiente (σ). Un valor bajo de μ para una raza indica que la mayoría de las restantes están cerca de ella.

TABLA 1. Lista de poblaciones, con número de identificación, y tipo de las mismas

Población	Tipo	Población	Tipo	Población	Tipo
<i>Gallus gallus</i> ⁴¹	1	Fayoumi ¹	3	Bresse ⁸	4
<i>Gallus gallus</i> ⁴²	1	Westfalia ³	3	Godollo ²⁶	4
Beduina ²	2	Sundheimer ⁴	3	Sarcoma+ ⁴³	4
Islandesa ¹¹	2	Leghorn ⁵	3	Sarcoma- ⁴⁴	4
Finesa ¹²	2	Uilenbaarder ⁶	3	Huevo blanco ²⁷	4
Yurlov ²⁴	2	Frisona ⁷	3	Huevo marrón ²⁸	4
		Houdan ⁹	3	Huevo marrón ³³	4
		Marans ¹⁰	3	Huevo marrón ³⁴	4
		Escandinava ¹³	3	Huevo marrón ³⁵	4
		Jaerhoens ¹⁴	3	Australorp ³⁶	4
		Siciliana ¹⁵	3	Broiler dam ²⁹	4
		Padua ¹⁶	3	Broiler sire ³⁰	4
		Castellana ¹⁷	3	Broiler dam ³¹	4
		Villafranguina ¹⁸	3	Broiler sire ³²	4
		Checa ¹⁹	3	Broiler dam ³⁷	4
		Oravka ²⁰	3	Immune+ ³⁸	4
		Transilvania ²¹	3	Immune- ³⁹	4
		Pata verde ²²	3	Control ⁴⁰	4
		Orlov ²³	3		

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En las Tablas 2 y 3 se indican las tres distancias genéticas para las dos razas españolas incluidas en el estudio (Castellana Negra y Villafranguina Roja). La heterocigosis media fue 51% y 0,46%, respectivamente, mientras que la frecuencia de marcadores polimórficos fue 91% en ambas razas. Las distancias genéticas medias para la raza Castellana Negra fueron 0.49, 0.26 y 0.10, con desviaciones típicas de 0.10, 0.04 y 0.01. Las distancias genéticas medias para la raza Villafranguina Roja fueron 0.50, 0.28 y 0.11, con desviaciones típicas de 0.12, 0.05 y 0.01.

Como comparación, la población menos variable (Padua) tenía H = 18% y la más variable (*Gallus gallus*) tenía H = 61%. La raza de Tipo 3 con mayor heterocigosis (Orlov) tenía H = 55%. El nivel medio de heterocigosis a través de todos los loci y de todas las razas fue 47%, menor que el encontrado en vacas (60%; de Gortari y col., 1997: Anim. Gen. 28, 274-290), cerdos (68%; Groenen y col., 1995: Anim. Gen. 26, 115-118), y peces (86%; García de León y col., 1995: Mol. Mar. Biol. Biotechnol. 4, 62-68). El número medio de alelos en todos los loci y en todas las razas fue 10.1 mientras que el número medio de alelos por locus y raza fue 3.8. El nivel de polimorfismo fue elevado, con un valor medio de 92%. La distancia genética entre la Castellana y la población comercial de huevo blanco²⁷ era elevada (0.64, 0.35 y 0.14), igual que la distancia entre la Villafranguina Roja y la población comercial de huevo

marrón oscuro³⁵ (0.82, 0.38 y 0.15). En relación con la subespecie *Gallus gallus gallus*⁴², la distancia genética de las dos razas era alta (0.70, 0.27, 0.12 y 0.74, 0.30, 0.13, respectivamente). Por lo tanto, ambas razas españolas son potencialmente importantes y su inclusión en programas de conservación parece justificada.

TABLA 2. Distancias genéticas entre la raza Castellana Negra¹⁷ y las restantes

Raza	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
0		0.60	0.52	0.30	0.45	0.43	0.56	0.32	0.48	0.32
		0.32	0.23	0.20	0.25	0.27	0.27	0.22	0.24	0.21
		0.13	0.10	0.07	0.10	0.10	0.11	0.08	0.10	0.07
1	0.60	0.41	0.46	0.35	0.33	0.54	0.48		0.33	0.49
	0.28	0.22	0.21	0.21	0.25	0.29	0.37		0.21	0.26
	0.12	0.08	0.09	0.09	0.08	0.10	0.13		0.08	0.11
2	0.37	0.57	0.30	0.54	0.51		0.43	0.64	0.57	0.47
	0.20	0.30	0.17	0.25	0.22		0.20	0.35	0.28	0.21
	0.08	0.11	0.08	0.11	0.09		0.08	0.14	0.11	0.09
3	0.41	0.52	0.55	0.52	0.61	0.64	0.46	0.43	0.49	0.30
	0.21	0.26	0.26	0.27	0.31	0.32	0.28	0.21	0.26	0.19
	0.09	0.10	0.11	0.11	0.11	0.12	0.10	0.09	0.10	0.07
4	0.52	0.61	0.70	0.51	0.57					
	0.26	0.24	0.27	0.31	0.32					
	0.10	0.10	0.12	0.10	0.12					

TABLA 3. Distancias genéticas entre la raza Villafranquina Roja¹⁸ y las restantes

Raza	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
0		0.57	0.67	0.31	0.57	0.32	0.60	0.37	0.50	0.25
		0.33	0.28	0.21	0.30	0.24	0.30	0.25	0.26	0.19
		0.12	0.11	0.08	0.12	0.08	0.13	0.09	0.11	0.07
1	0.49	0.40	0.48	0.30	0.59	0.45	0.59	0.33		0.34
	0.26	0.24	0.24	0.20	0.36	0.28	0.43	0.21		0.22
	0.10	0.09	0.10	0.07	0.13	0.09	0.14	0.08		0.09
2	0.47	0.54	0.55	0.36	0.33		0.51	0.53	0.68	0.54
	0.25	0.30	0.28	0.21	0.18		0.24	0.34	0.33	0.25
	0.10	0.11	0.11	0.08	0.08		0.10	0.12	0.13	0.11
3	0.45	0.51	0.63	0.51	0.60	0.82	0.47	0.49	0.49	0.47
	0.24	0.27	0.30	0.29	0.32	0.38	0.30	0.24	0.28	0.27
	0.10	0.11	0.13	0.11	0.12	0.15	0.11	0.10	0.10	0.10
4	0.46	0.48	0.74	0.63	0.62					
	0.26	0.23	0.30	0.36	0.35					
	0.10	0.10	0.13	0.13	0.13					