

INTROGRESION DE GENES DE CEBÚ DEL SAHEL EN LAS POBLACIONES BOVINAS TRIPANOTOLERANTES DE BURKINA FASO

I. Álvarez¹, A. Traoré², I. Fernández¹, M. Cuervo³, T. Lecomte⁴, H.H. Tamboura², F. Goyache¹.

¹SERIDA-Deva, C/ Camino de Rioseco 1225, 33394-Gijón (Asturias), e-mail:

fgoyache@serida.org; ²INERA-CNRST, 04 BP 8645 Ouagadougou 04, Burkina Faso;

³SERPA S.A., C/ Luis Moya Blanco 26, E-33203, Gijón (Asturias); ⁴SEBO / JVL - Ranch de Kolo, R.D. de Congo

INTRODUCCIÓN

La progresiva desertización del oeste de África está facilitando la introgresión de genes de ganado del Sahel en las poblaciones ruminantes domésticos de las zonas húmedas del esa región del continente africano (Álvarez et al., 2009; Traoré et al., 2009, 2011). Esta introgresión puede poner en riesgo la principal característica de los ruminantes domésticos tripanotolerantes (ver Geerts et al., 2009). La tripanotolerancia es un carácter heredable que puede definirse como la capacidad para sobrevivir, reproducirse y producir en condiciones de riesgo de tripanosomiasis sin necesidad de productos para el control del vector o el parásito. Las poblaciones de *Bos taurus* africano se consideran resistentes a la tripanosomiasis ya que poseen la capacidad para iniciar y mantener respuestas contra el establecimiento del tripanosoma llegando a la curación espontánea. Esto contrasta con la respuesta a la enfermedad de los pequeños ruminantes que son capaces de mantener su capacidad productiva en condiciones de parasitemia y por ello se consideran, simplemente, tripano-resilientes. La tripanosomiasis es el mayor obstáculo para el desarrollo de una ganadería sostenible en el África húmeda y sub-húmeda y se considera una de las causas más importantes del hambre y la pobreza en el África sub-Sahariana (http://www.africa-union.org/Structure_of_the_Commission/depPattec.htm).

El proyecto CORAF-WECARD 03.GRN.16 pretende: a) la caracterización fenotípica y molecular de 11 razas bovinas del oeste de África en Mali, Burkina Faso, Benín y Guinea; b) el diagnóstico y grado de afectación por tripanosomiasis bovina de esas poblaciones teniendo en cuenta diferentes características agro-ecológicas; c) el establecimiento de patrones geográficos que caractericen el grado de introgresión de genes de cebú más allá del Sahel y su importancia en la presencia de tripanosomiasis; y d) realizar recomendaciones a ganaderos, gobiernos y agencias internacionales para el manejo y aprovechamiento sostenible del ganado bovino tripanotolerante. El proyecto CORAF-WECARD 03.GRN.16 está íntimamente ligado al proyecto MICINN-FEDER AGL2011-27585, que pretende un mayor conocimiento de las bases genéticas de la tripanotolerancia bovina mediante aplicación de técnicas de gen candidato. En esta comunicación se llevan a cabo análisis preliminares que permitan establecer la utilidad de una batería de marcadores microsatélite utilizada en bovino europeo para conseguir los objetivos previstos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se obtuvieron muestras de sangre de 32 cebúes africanos tripanosusceptibles (5 Danakil, 6 Raya Azebo y 21 Boran), 31 individuos de raza Lobi (representante en Burkina Faso de la raza Baoulé), 23 individuos de raza N'Dama de Burkina Faso y 42 muestras de animales de raza N'Dama procedentes de cuatro rebaños explotados en Congo por la empresa JVL. La raza N'Dama se considera el representante más destacado del ganado tripanotolerante africano. Los animales de raza Lobi se muestrearon en el área de Sidéradougou, en la zona de influencia del río Mouhoun (Volta Negro). Las muestras de raza N'Dama de Burkina Faso se obtuvieron en el área de Mangodara en la frontera con Costa de Marfil. La población N'Dama de Congo deriva de un rebaño originario de Guinea y establecido en el país en los años 30 del siglo XX. Los individuos disponibles se genotiparon con los 34 marcadores microsatélite utilizados previamente por Bozzi et al. (2012). En ese trabajo puede encontrarse una descripción detallada de los métodos laborales empleados. A efectos descriptivos se

han calculado diversos parámetros que caracterizan la variabilidad genética de las poblaciones analizadas utilizando el programa MolKin 3.1 (Gutiérrez et al., 2005).

En la forma descrita por Traoré et al. (2012) las contribuciones relativas de dos poblaciones parentales a una población supuestamente cruzada se estimarán utilizando los programas LEADMIX (Wang, 2003) y LEA (Chikhi et al., 2001). Ambos programas difieren en los métodos empleados y en las asunciones realizadas. LEADMIX aplica métodos máximo-verosímiles a un modelo simple en que dos poblaciones parentales divergen de un ancestro común para crear, posteriormente, una tercera población híbrida asumiendo que las frecuencias alélicas de las poblaciones parentales no son independientes. LEA aplica metodologías bayesianas a un modelo que asume que las poblaciones parentales se encuentran en equilibrio demográfico y que sus frecuencias alélicas antes de la hibridación son independientes. En esta comunicación las poblaciones parentales 1 y 2 serán las poblaciones de cebú africano y de N'Dama del Congo, respectivamente, mientras que las poblaciones Lobi y N'Dama de Burkina Faso serán consideradas poblaciones derivadas. En todo caso, la población Lobi será también analizada considerando la población N'Dama de Burkina Faso como población parental 2.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las variabilidad genética de las poblaciones analizadas es comparable (Tabla 1) excepto para la población N'Dama del Congo, que es la única sometida a un programa de selección. La mayor diferenciación se encuentra entre esta población y el cebú africano ($D_R = 0,123$). La menor diferenciación no se encuentra entre las dos poblaciones N'Dama (0,064) sino entre la población N'Dama de Burkina Faso y el cebú africano (0,054). Los coeficientes de mestizaje estimados con la población de cebú africano se muestran en la Tabla 2. Si se consideran como población parental 2 los individuos N'Dama de Burkina Faso, el coeficiente de mestizaje estimado para la raza Lobi es bajo (LEADMIX) o nulo (LEA), mientras que pasa a ser importante (entre el 25,6% -LEA- y el 39,1% LEADMIX) cuando la población parental 2 es la población N'Dama de Congo. A pesar de que la población N'Dama de Burkina Faso se localiza al sur de la zona de muestreo de los individuos Lobi, la proporción de genotipo cebú en la población N'Dama de Burkina Faso fue mayor (aproximadamente el 47%). A pesar de que la batería de microsatélites utilizada ha demostrado ser útil para la consecución de los objetivos previstos, el presente análisis ha evidenciado los problemas a que se puede enfrentar el proyecto CORAF-WECARD 03.GRN.16: a) la diferenciación entre poblaciones en el oeste de África puede deberse más a la distancia geográfica que tipo racial, lo que dificulta la obtención de patrones claros de mestizaje; y b) la introgresión de genes de ganado del Sahel hacia el sur sigue un patrón complejo que no es explicable únicamente por la latitud (Traoré et al., 2012). Será necesario incorporar al análisis nuevas poblaciones parentales tanto tripanotolerantes como tripanosusceptibles que permitan encontrar patrones de mestizaje explicables por las condiciones agroecológicas de la región estudiada.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Álvarez, I., Traoré, A., Tambourá, H. H., Kaboré, A., Royo, L. J., Fernández, I., Ouédraogo-Sanou, G., Sawadogo, L., Goyache, F. 2009. Anim. Biotech. 20: 47-57.
- Bozzi, R., Álvarez, I., Crovetto, A., Fernández, I., De Petris, D., Goyache, F. 2012. Animal 6: 203-211.
- Chikhi, L., Bruford, M. W., Beaumont, M.A. 2001. Genetics 158: 1347-1362.
- Geerts, S., Osaer, S., Goossens, B., Faye, D. 2009. Trends Parasitol. 2009 25: 132-138.
- Gutiérrez, J. P., Royo, L. J., Álvarez, I., Goyache, F. 2005: J. Hered. 96: 718-721.
- Traoré, A., Álvarez, I., Tambourá, H. H., Fernández, I., Kaboré, A., Royo, L. J., Gutiérrez, J. P., Ouédraogo-Sanou, G., Sawadogo, L., Goyache, F. 2009. Livest. Sci. 123: 322-328.
- Traoré, A., Álvarez, I., Fernández, I., Pérez-Pardal, L., Kaboré, A., Ouédraogo-Sanou, G. M. S., Zaré, Y., Tamboura H. H., Goyache, F. 2012. BMC Genetics 13: 35 doi:10.1186/1471-2156-13-35.
- Wang, J. 2003. Genetics 164:747-765.

Agradecimientos: Este trabajo se financió parcialmente mediante los proyectos MICINN-FEDER AGL2011-27585 y CORAF-WECARD - World Bank 03.GRN.16.

Tabla 1. Parámetros descriptivos de la variabilidad genética en las poblaciones analizadas: heterocigosis observada (H_o), heterocigosis esperada (H_e) y su desviación estándar ($de_{(H_e)}$), número medio de alelos por locus (k) y número medio de alelos por locus ajustado por tamaño muestral a 42 copias ($k_{(42)}$). Asimismo, se muestran las distancias de Reynolds con las poblaciones de cebú africano ($D_{R(CA)}$) y N'Dama del Congo ($D_{R(NC)}$)

Población	H_o	H_e	$de_{(H_e)}$	k	$k_{(42)}$	$D_{R(CA)}$	$D_{R(NC)}$
Lobi	0,679	0,642	0,009	6,1	5,6	0,084	0,059
N'Dama (BF)	0,689	0,688	0,009	6,7	6,6	0,054	0,064
Cebú africano	0,718	0,705	0,007	6,9	6,4		0,123
N'Dama (Congo)	0,575	0,560	0,008	5,5	4,9	0,123	
TOTAL	0,657	0,649	0,004	8,7	6,7		

Tabla 2. Proporción de genotipo cebú africano en las razas Lobi y N'Dama de Burkina Faso (BF) considerando como población parental 2 la población N'Dama del Congo o la propia población N'Dama de Burkina Faso. Los coeficientes se han calculado mediante los programas LEADMIX y LEA y se presentan, respectivamente, como media de la distribución posterior y desviación estándar (d.e.) y solución máximo-verosímil e intervalo de confianza al 85%

Derivada	LEADMIX		LEA	
	Parental 2	Media	d,e,	coeficiente [+95%, +95%]
Lobi	N'Dama (BF)	0,111	0,037	0,001 [0,009, <0,001]
	N'Dama (Congo)	0,391	0,037	0,256 [0,323, 0,191]
N'Dama (BF)	N'Dama (Congo)	0,471	0,058	0,475 [0,537, 0,412]

INTROGRESSION OF SAHELIAN ZEBU GENES INTO THE TRYPANOTOLERANT BOVINE POPULATIONS OF BURKINA FASO

ABSTRACT: Due to progressive desertification, introgression of Sahelian zebu cattle genes into native *Bos taurus* populations of West Africa jeopardise a major inheritable trait: trypanotolerance. The aim of this note is to asses the usefulness of a set of microsatellites to estimate admixture coefficients in two cattle populations of Burkina Faso: Lobi (32 samples) and N'Dama (23). Samples of African zebu (32) and N'Dama from Congo (42) were used as parental populations. The higher differentiation (Reynolds' distance) found was between the African zebu and the N'Dama from Congo ($D_R = 0.123$) while the two N'Dama populations and the pair Burkinabé N'Dama and African zebu were poorly differentiated (0.064 and 0.054, respectively). The zebu admixture coefficients estimated for the Lobi breed were low or null when the other parental population was the Burkinabé N'Dama. However, they become non negligible when the N'Dama from Congo was used (from 25.6% to 39,1%). The admixture coefficients estimated for the Burkinabé N'Dama population were higher that those estimated for the Lobi breed (roughly 47%).

Keywords: West Africa, zebu cattle, trypanotolerant cattle, introgression