

VARIABILIDAD GENÉTICA EN GANADERÍAS DE LIDIA MEXICANAS A PARTIR DE LA INFORMACIÓN DEL REGISTRO GENEALÓGICO

JOEL DOMÍNGUEZ-VIVEROS,^{1*} JUAN Ángel ORTEGA-GUTIÉRREZ,¹
FELIPE Alonso RODRÍGUEZ-ALMEIDA¹ Y JORGE ANDRÉS
CÁRDENAS-RIVERA¹

Facultad de Zootecnia y Ecología. Universidad Autónoma de Chihuahua. Periférico Francisco R.
Almada km 1. Chihuahua, Chih. CP 31453.

Asociación Nacional de Criadores de Toros de Lidia. Registro Genealógico de Pureza de Raza.
Leibnitz No. 47. Col. Anzures. México, D. F. CP 11590.

*Autor corresponsal: <joeldguezviveros@yahoo.com.mx> <jodominguez@uach.mx>

Domínguez-Viveros, J., Ortega-Gutiérrez, J. Á., Rodríguez-Almeida, F. A. y Cárdenas-Rivera, J. A. 2014. Variabilidad genética en ganaderías de lidia mexicanas a partir de la información del registro genealógico. *Acta Zoológica Mexicana (n.s.)*, 30(3): 610-616.

RESUMEN. El análisis del pedigrí es una herramienta importante para describir la variabilidad genética y su evolución a través de las generaciones. Con el objetivo de estimar distancias genéticas y analizar la posible variabilidad genética a través de ganaderías de lidia mexicanas, se editó el pedigrí con 58826 individuos de 110 ganaderías, nacidos de 1970 a 2010. El promedio de individuos por ganadería fue 534, con rango de 107 a 4552 individuos. Con el programa ENDOG se estimaron las distancias genéticas de Nei (DGNei), así como los estadísticos F_{IS} y F_{ST} ; posteriormente, con las DGNei y el programa TreeView se construyó una representación gráfica. Las estimaciones de F_{ST} fluctuaron de 0.0001 a 0.0909, el promedio fue 0.0086. El valor promedio de F_{ST} reveló que 0.86% de la varianza genética se puede atribuir a diferencias entre poblaciones y el 99.14% restante a diferencias entre individuos dentro de poblaciones. Las estimaciones de F_{IS} oscilaron entre -0.3333 y 0.0099, con un promedio general de -0.0167; estos resultados revelaron un incremento promedio de heterocigosis de 1.67% y máximos de 33.3%, repercutiendo en un posible desequilibrio Hardy-Weinberg. Las DGNei fluctuaron de 0.0009 a 0.0859, con una estimación promedio de 0.0217; en la representación gráfica, el acomodo de las ganaderías no presentó una diferenciación en grupos.

Palabras clave: estadísticos F, distancias de Nei, toro de lidia, análisis de pedigrí, diferenciación genética.

Domínguez-Viveros, J., Ortega-Gutiérrez, J. Á., Rodríguez-Almeida, F. A. & Cárdenas-Rivera, J. A. 2014. Genetic variability in Mexican fighting bull herd from herdbook information. *Acta Zoológica Mexicana (n.s.)*, 30(3): 610-616.

Recibido: 15/01/2014; aceptado: 12/05/2014.

ABSTRACT. Pedigree analysis is an important tool to describe the genetic variability and its evolution through generations. The objective was to estimate genetic distances and to analyze the possible genetic differentiation through Mexican fighting bull herds. The pedigree including 58826 animals from 110 herds, born from 1970 to 2010 was used. The average number of animals in a herd was 534, the range was 107 to 4552. With the Software ENDOG it was calculated the Nei genetic distances (DGNei) and the F_{IS} and F_{ST} statistics. Then with the DGNei and using the Software TreeView it was built a graphic representation. The F_{ST} values ranged from 0.0001 to 0.0909, it averaged 0.0086. This value revealed that 0.86% of the genetic variance could be attributed to differences between populations, the 99.14% remaining to differences between individuals within populations. The F_{IS} values ranged from -0.3333 to 0.0099, with average of -0.0167; these results revealed an average increase in heterozygosis of 1.67% and maximum increase of 33.3%, causing a possible disequilibrium Hardy-Weinberg. The DGNei ranged from 0.0009 to 0.0859, with an average of 0.0217; the graphical representation, the arrangement of herds showed no differentiation in groups.

Key words: F statistics, Nei distances, bull fighting, pedigree analysis, genetic differentiation.

INTRODUCCIÓN

La llegada del toro de lidia a México se remonta a inicios del siglo XVI y durante la época colonial en la Nueva España se fundaron algunas ganaderías que no trascendieron. El origen del toro de lidia de la actualidad surge a principios del siglo XX y se atribuye a cuatro familias propietarias de quince ganaderías fundadoras (Lanfranchi 1992). La Asociación Nacional de Criadores de Toros de Lidia (ANCTL) se constituyó en 1930 a partir de las citadas quince ganaderías fundadoras (Castillo 2003). Las ganaderías de Lidia se distribuyen en diferentes ambientes y regiones de México; con mínimo manejo y evitando contacto con el hombre. La importancia biológica de este recurso genético se debe a que puede poseer genes únicos para características de adaptación y rusticidad, mismos que potencialmente se pueden utilizar en el futuro para complementar la composición genética de otras poblaciones de bovinos. La ANCTL en colaboración con el Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios diseñaron e implementaron el Registro Genealógico de Pureza de Raza del Toro de Lidia (RGTL) Mexicano.

El estudio de la variabilidad genética de las poblaciones, es la base para el establecimiento y desarrollo de programas de selección y/o conservación. Estudios demográficos permiten describir la estructura y dinámica de los individuos en las poblaciones, mientras que los estudios genéticos permiten analizar la variabilidad y evolución genética de los individuos en las poblaciones. El análisis del pedigrí es una herramienta importante para describir la variabilidad genética y su evolución a través de las generaciones (Goyache *et al.* 2003, Gutiérrez *et al.* 2003). En un primer estudio realizado por Domínguez-Viveros *et al.* (2012), describieron la estructura e integridad del pedigrí del RGTL; reportaron los niveles de consanguinidad y su comportamiento a través del tiempo; y estimaron parámetros de poblaciones, como es el caso de ancestros fundadores e intervalos generacionales, entre otros.

Una población subdividida muestra niveles de heterocigosis menores a los esperados, y esa reducción en heterocigosis puede ser utilizada para cuantificar el grado de diferenciación entre sub poblaciones por medio del estadístico F de Wright (Caballero & Toro 2000); además, las distancias genéticas miden la diversidad o grado de diferenciación genética entre poblaciones, ayudan a entender las relaciones existentes (evolutivas o no) y dan una estimación relativa del tiempo que ha pasado desde que las poblaciones se diferenciaron (Nagamine & Higuchi 2001). Con base en lo anterior, los objetivos del presente estudio fueron estimar las distancias genéticas y analizar la posible variación o diferenciación genética a través de ganaderías de lidia mexicanas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Con la base de datos del RGTL se editó el pedigrí con 58826 individuos de 110 ganaderías, nacidos de 1970 a 2010. El promedio de individuos por ganadería fue 534, con rango de 107 a 4552 individuos. Con el programa de cómputo ENDOG v4.0 (Gutiérrez & Goyache 2005) se estimaron las distancias genéticas (DGNei) de Nei (Nei 1977) a través de ganaderías, así como los estadísticos de Wright F_{IS} y F_{ST} (Caballero & Toro 2000). En total, se calcularon 5995 DGNei y estadísticos F_{ST} (a través de las 110 ganaderías estudiadas), así como 110 estadísticos F_{IS} . El estadístico F_{IS} mide la reducción de heterocigosis y varía de -1 (todos los individuos son heterocigotos) a +1 (ausencia de heterocigotos); un valor de cero indica una situación de equilibrio (Jordana *et al.* 1992; Nagylaki 1998); también es definido como la desviación de las frecuencias genotípicas observadas en las sub poblaciones, con respecto a las esperadas considerando el equilibrio Hardy-Weinberg (HW; Chakraborty *et al.* 1991). El estadístico F_{ST} varía de cero a uno y es una medida del grado de diferenciación genética entre poblaciones; mide la reducción de heterocigosis debido a deriva genética, de una subpoblación con relación a la población total, y representa el porcentaje de la varianza genética debido a las diferencias entre poblaciones (Nagylaki 1998; Jordana *et al.* 1999); estimaciones menores a 0.05 indican que las poblaciones están más relacionadas genéticamente y que existe poca diferenciación, asociado a un flujo genético (FG) o intercambio de reproductores (Real 1994). El estadístico F_{ST} es un parámetro que permite calcular el FG, $FG = (1 - F_{ST}) / (4F_{ST})$ y analizar su importancia en la evolución de las poblaciones con base en la deriva genética (Eguiarte *et al.* 2007). Las distancias genéticas miden el grado en que dos poblaciones difieren en sus frecuencias alélicas y genotípicas, y conforme avanza el tiempo a partir de que divergieron o se separaron las poblaciones, mayor será la diferencia entre sus frecuencias (Nei & Kumar 2000). Con las DGNei y el software TreeView (Page 1996) se construyó un gráfico de dispersión.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el Cuadro 1 se describen los resultados de las DGNei y del estadístico F_{ST} . Las estimaciones de F_{ST} fluctuaron de 0.0001 a 0.0909, con un promedio general de 0.0086; el 97.63% fueron menores a 0.0228 y solo una estimación fue superior a 0.0454. Las estimaciones promedio de F_{ST} dentro de cada ganadería oscilaron entre 0.0021 y 0.0249. El valor promedio de F_{ST} reveló que sólo 0.86% de la varianza genética puede ser atribuida a diferencias entre poblaciones, el 99.14% de la varianza genética restante se atribuye a las diferencias entre individuos dentro de poblaciones. Con las estimaciones promedio del estadístico F_{ST} , a través de ganaderías puede existir un intercambio promedio de 29.2 reproductores, con máximos de 118.8. El FG determina hasta qué punto cada subpoblación es una unidad independiente; con gran cantidad de FG, las sub poblaciones evolucionan juntas, pero si existe bajo FG, entonces cada subpoblación evoluciona de forma independiente (Real 1994). Las medidas de diferenciación o distancias basadas en el estadístico F_{ST} pueden ser apropiadas para procesos evolutivos de corto plazo, especialmente si el tamaño efectivo de las poblaciones varía en tiempo y espacio (Reynolds *et al.* 1983; Nagylaki 1998). En estudios similares con ganaderías de Lidia españolas, Sanz *et al.* (2011) reportaron que el 9% de la variabilidad fue explicada por las diferencias entre las 16 ganaderías evaluadas; de la misma forma, Cañón *et al.* (2007a) estimaron que 20% de la variabilidad global, a través de 77 ganaderías, fue explicada por subdivisiones o conjuntos de ganaderías denominadas encastes. Estimaciones de F_{ST} superiores a las del presente estudio fueron publicados por Jordana *et al.* (2003), al evaluar la estructura genética de 18 razas de bovinos para carne de origen europeo; estos autores estimaron que 6.8% de la

Cuadro 1. Distribución de las estimaciones de distancias genéticas de Nei (DGNei) y del estadístico de Wright (F_{ST}) a través de 110 ganaderías de lidia mexicanas

| DGNei | | | F_{ST} | | |
|--------------------|----------------|----------------|--------------------|----------------|----------------|
| Clase [‡] | n [†] | % [§] | Clase [‡] | n [†] | % [§] |
| 0.0009 - 0.0115 | 977 | 16.30 | 0.0001 - 0.0114 | 4516 | 75.33 |
| 0.0116 - 0.0221 | 2534 | 42.27 | 0.0115 - 0.0227 | 1337 | 22.30 |
| 0.0222 - 0.0327 | 1642 | 27.39 | 0.0228 - 0.0340 | 123 | 2.05 |
| 0.0328 - 0.0433 | 587 | 9.79 | 0.0341 - 0.0453 | 18 | 0.30 |
| 0.0434 - 0.0539 | 131 | 2.19 | 0.0454 - 0.0566 | 0 | 0.00 |
| 0.0540 - 0.0645 | 84 | 1.40 | 0.0567 - 0.0679 | 0 | 0.00 |
| 0.0646 - 0.0751 | 32 | 0.53 | 0.0680 - 0.0792 | 0 | 0.00 |
| > 0.0752 | 8 | 0.13 | > 0.0793 | 1 | 0.02 |
| Total | 5995 | 100.00 | Total | 5995 | 100.00 |

[†]n = número de observaciones; [§]% frecuencia relativa; [‡]el rango se dividió en ocho clases.

varianza fue explicada por las diferencias entre poblaciones y el remanente (93.2%) fue atribuida a las diferencias entre individuos. Las estimaciones de F_{IS} oscilaron de -0.3333 a 0.0099, con un promedio general de -0.0167.

Los estimadores del estadístico F_{IS} indican un incremento promedio de heterocigosis de 1.67% y máximos de 33.3%. De las ganaderías evaluadas, el 94.5% presentaron estimaciones de F_{IS} negativas, en un intervalo de -0.0002 a -0.3333, lo cual podría indicar un desequilibrio HW por aumento de heterocigotos. El desequilibrio HW se puede atribuir a (Real 1994; Eguiarte *et al.* 2007) dos situaciones: 1) si hay un exceso de heterocigotos puede indicar la presencia de selección por sobre dominancia o la presencia de flujo genético entre poblaciones (migración); y, 2) un incremento de homocigotos puede ser atribuido a la existencia de un locus bajo selección, a los niveles de consanguinidad, a la sub estructuración reproductiva de la población o al efecto Wahlund. Estimaciones de F_{IS} promedio de -0.005 y negativas en el 56% de las ganaderías evaluadas, fueron publicadas por Sanz *et al.* (2011); resultados diferentes, con estimaciones positivas en 86.2% de las ganaderías evaluadas y un promedio de 0.089, fueron publicadas por Cañón *et al.* (2007a); asimismo, Jordana *et al.* (2003) publicaron estimaciones de F_{IS} promedio de 0.076 a través de las poblaciones evaluadas.

En la Figura 1 se presenta en forma gráfica las DGNei a través de las ganaderías analizadas. Las estimaciones fluctuaron de 0.0009 a 0.0859 (Cuadro 1), con prome-

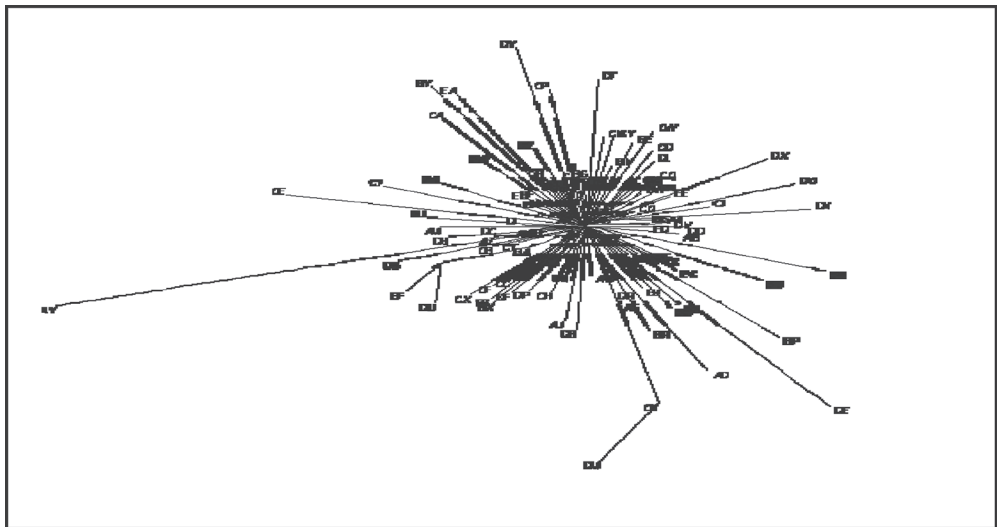


Figura 1. Representación gráfica de las distancias genéticas de Nei a través de las 110 ganaderías analizadas.

dio de 0.0217. El 16.30% de las estimaciones fueron menores de 0.0116; alrededor del 70% oscilaron entre 0.0116 y 0.0327, mientras que ocho estimaciones (0.13%) fueron superiores a 0.0752 (Cuadro 1); dentro de ganadería, los promedios oscilaron entre 0.011 y 0.064. Las ocho estimaciones superiores a 0.0752 se ubican en los extremos de la Figura 1. De acuerdo con el acomodo de las ganaderías en la Figura 1, no se observó una diferenciación en posibles grupos o conjuntos de ganaderías; estos resultados se pueden atribuir a que las bajas estimaciones (poca diferenciación) de las distancias genéticas, no pueden separar a las ganaderías en función de ciertos agrupamientos. Resultados diferentes fueron publicados por Cañón *et al.* (2007b); los árboles filogenéticos reportados por estos autores señalan dos hechos importantes: 1) el origen está presente en todas las ramas principales del árbol de relaciones genéticas; y, 2) la estrecha correlación que puede observarse entre la génesis de las ganaderías y las relaciones genéticas entre ellas reflejadas en el árbol.

CONCLUSIONES

Estimaciones pequeñas de distancias genéticas, como las del presente estudio, pueden indicar subdivisiones o separación; sin embargo, el tiempo que ha transcurrido desde que las poblaciones se diferenciaron ha sido poco y las fuerzas que cambian las frecuencias génicas en las poblaciones no han complementado la diferenciación.

LITERATURA CITADA

- Caballero, A. & Toro, M. A.** 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetic Research*, 75: 331-343.
- Cañón, J., Cortés, O., García, D., García-Atance, M. A., Tupac-Yupanqui, I. & Dunner, S.** 2007a. Distribución de la variabilidad genética en la raza de lidia. *Archivos de Zootecnia*, 56(Sup. 1): 391-396.
- Cañón J., Fernández, J., García-Atance, M. A., Tupac-Yupanqui, I., Cortés, O., García, D. & Dunner, S.** 2007b. Relaciones genéticas entre ganaderías de lidia en función de su origen. *Archivos de Zootecnia*, 56(Sup. 1): 383-390.
- Castillo G. E.** 2003. *Nuestro Toro*. Asociación Nacional de Criadores de Toros de Lidia, México, D.F. 483 pp.
- Chakraborty R. & Danker-Hopfe, H.** 1991. Analysis of population structure: a comparative study of different estimators of Wright's fixation indices. *Handbook Statistics*, 8: 203-254.
- Domínguez-Viveros J., Rodríguez-Almeida, F. A., Ortega-Gutiérrez, J. Á. & Santellano-Estrada, E.** 2012. Análisis de la información genealógica y estimación de parámetros de poblaciones en bovinos de lidia y equinos de pura raza española en México. *Revista Científica FCV-LUZ*, 22: 443-450.
- Eguiarte L. E., Souza, V. & Aguirre, X.** 2007. *Ecología molecular*. Editorial de la Secretaría del Medio Ambiente y Recursos Naturales - Instituto Nacional de Ecología. México, DF. 669 pp.
- Goyache, F., Gutiérrez, J. P., Fernández, I., Gómez, E., Álvarez, I., Diez, J. & Royo, L. J.** 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalpa sheep breed of Asturias as an example. *Journal of Animal Breeding Genetics*, 120: 95-105.
- Gutiérrez, J. P., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Cañón, J. & Piedrafita, J.** 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 35: 43-63.

- Gutiérrez, J. P. & Goyache, F.** 2005. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. *Journal of Animal Breeding Genetics*, 122: 172-176.
- Jordana J., Piedrafita, J., Sanchez, A. & Puig, P.** 1992. Comparative F statistical analysis of the genetic structure of ten Spanish dog breeds. *Journal of Heredity*, 83: 367-374.
- Jordana J., Piedrafita, J., Carre, X. & Martell, A.** 1999. Conservation genetics of an endangered Catalanian cattle breed (Alberes). *Genetics and Molecular Biology*, 22: 387-394.
- Jordana J., Alexandrino, P., Beja-Pereira, A., Bessa, I., Cañon, J., Carretero, Y., Dunner, S., Laloë, D., Moazami-Goudarzi, K., Sanchez, A. & Ferrand, N.** 2003. Genetic structure of eighteen local south European beef cattle breeds y comparative F-statistics analysis. *Journal of Animal Breeding Genetics*, 120: 73-87.
- Lanfranchi H.** 1992. *Historia del Toro Bravo Mexicano*. Asociación Nacional de Criadores de Toros de Lidia. México, D.F. 401 pp.
- Nagamine Y. & Higuchi, M.** 2001. Genetic distance and classification of domestic animals using genetic markers. *Journal of Animal Breeding Genetics*, 118: 101-109.
- Nagylaki T.** 1998. Fixation indices in subdivided populations. *Genetics*, 148: 1325-1332.
- Nei M.** 1977. F-statistics and analysis of gene diversity in subdivided populations. *Annals Human Genetics*, 41: 225-233.
- Nei, M. & Kumar, S.** 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press. New York, USA. 342 pp.
- Page, R. D.** 1996. TreeView: an application to display phylogenetic trees on personal computer. *Computer Applications in the Biosciences*, 12: 357-358.
- Real, L.** 1994. *Ecological genetics*. Princeton University Press. Princeton, New Jersey USA. 845 pp.
- Reynolds J., Weir, B. S. & Cockerham, C. C.** 1983. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105: 767-769.
- Sanz A., Cons, C., Rodellar, C., Reta, M., Martín-Burriel, I. & Zaragoza, P.** 2011. Estructura y variabilidad genética de la raza bovina casta Navarra. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal*, 1: 102-108.