

## MARCADORES MOLECULARES COMO UNA HERRAMIENTA PARA EL ANÁLISIS DE LOS BANCOS DE SEMEN - ANÁLISIS PRELIMINAR

A. A. Egito<sup>1</sup>; V. Carvalho<sup>2</sup>; M. Marzullo<sup>2</sup>; N. V. Nascimento<sup>3</sup>; A. F. Ramos<sup>3</sup>; M. S.M. Albuquerque<sup>3</sup>; A. S. Mariante<sup>2,3</sup>

egito@cnpqg.embrapa.br

1. Embrapa Gado de Corte – Campo Grande – MS – Brasil;
2. Bolsista CNPq – Brasil
3. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia – Brasília – DF – Brasil

**Palabras clave:** conservación, rede animal, recursos genéticos animales, STR

### Introducción

La variabilidad genética de las especies se refleja en sus razas y en las poblaciones localmente adaptadas, también conocidas como criollas o autóctonas. La gran mayoría de las razas criollas de ganado brasileño están en riesgo de extinción. En la Red Animal, de la Plataforma Brasileña de Recursos Genéticos (RG), los RG animales están siendo conservados *in situ*, en núcleos de conservación ubicados en las regiones en que estas razas fueran desarrolladas por selección natural, y por medio de la conservación *ex situ* mediante la criopreservación de semen y embriones. Los estudios basados en polimorfismos de ADN pueden ayudar a la formación, el mantenimiento de la variabilidad genética y la representatividad de los bancos de germoplasma.

### Objetivos

Estimar índices de diversidad genética de muestras de semen del Banco de Germoplasma Animal (BGA) de EMBRAPA con el fin de analizar la viabilidad de uso de las técnicas moleculares para gestión del mismo.

### Metodología

Fueron genotipadas 33 dosis de semen bovino depositados en BGA (Curraleiro – CU, n=13; Mocho Nacional – MN, n=7 y Pantaneiro – P, n=17) con 11 microsatélites en sistemas múltiplex fluorescentes (INRA35, HEL9, INRA37, ILSTS5, HEL5, ETH152, BM2113, ETH10, SPS115, TGLA122 y ETH225). La separación de los fragmentos se realizó mediante electroforesis capilar en un secuenciador automático ABI3100.

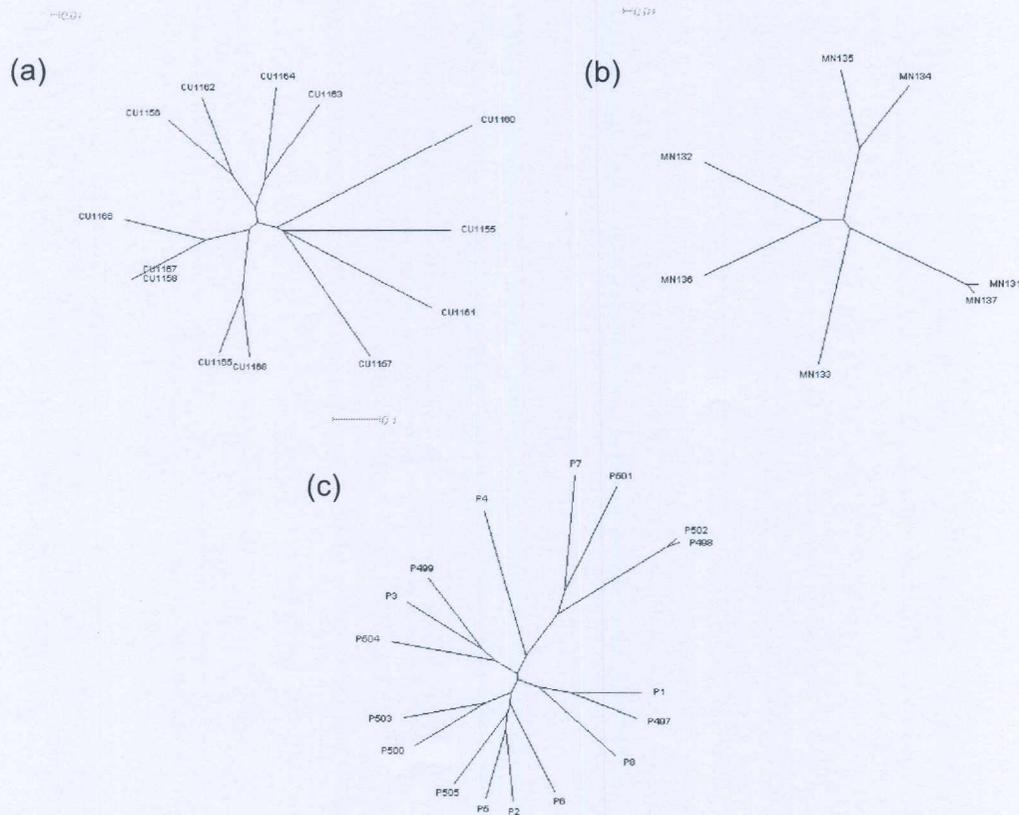
La variabilidad genética se obtuvo por la estimación de las frecuencias alélicas, el número promedio de alelos por locus polimórfico, y los índices de diversidad, como la heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) y observada ( $H_o$ ), el contenido de información polimórfica (PIC) y el índice fijación (FIS) o el coeficiente de consanguinidad. Se utilizaron los programas Cervus 2.0 (Marshall, 2001), la herramienta Excel de microsatélites y el FSTAT. Las relaciones genéticas se investigaron mediante las distancias genéticas de Reynolds usando el programa Microsat. El árbol Neighbor-Joining se construyó usando el programa SplitsTree4.

### Resultados y discusión

La heterocigosidad observada ( $H_o$ ) fue menor que la heterocigosidad esperada ( $H_e$ ).  $H_o$  fue igual a 0,6729, 0,7348 y 0,7140, mientras que  $H_e$  fue 0,7206, 0,7923 y 0,7766, respectivamente, para CU, MN y P. La  $H_e$  observada por Egito et al. (2007) para estas razas estaban muy similares, mientras que  $H_o$  fue más alto que los valores obtenidos en nuestro estudio.

El número promedio de alelos observados (5,45 para CU, 5,27 para MN y 6,09 para P) fueran inferiores a los observados para estas razas, en otro trabajo, que fue de 10 alelos en promedio (Egito et al., 2007). Por otro lado, los índices de  $F_{IS}$  obtenidos por estos autores fueran mas grandes (0,174, 0,097 y 0,163 respectivamente, para CU, MN y P) que los que fueran observados en este estudio (0,094, 0,045 y 0,077, respectivamente, para CU, MN y P).

Así, al comparar los datos obtenidos y los datos publicados (Egito et al., 2007) se observó que a pesar de la diversidad genética estar cercana de los resultados observados para la población general, los demás índices muestran que esta submuestra no refleja la variabilidad observada en la raza. A partir del análisis de las matrices de distancia genética y los árboles (Figura 1) se observa la existencia de muestras muy similares que pueden ser excluidos con el fin de aprovechar el espacio y el ahorro de costes.



**Figura 1.** Árboles que muestran la similitud genética entre las dosis de semen analizadas para cada una de las razas en estudio (a) Curraleiro, (b) Mocho Nacional y (c) Pantaneiro.

### Conclusiones

El trabajo demuestra la eficacia de las técnicas moleculares en el manejo y gestión de los Bancos de Germoplasma. Además, ratifica que la caracterización previa de los animales antes de su inclusión como donante de material genético puede ayudar a enriquecer los bancos de germoplasma, asegurando que los esfuerzos están dirigidos para aumentar la diversidad genética conservada.

### Bibliografía

Egito, A. A.; Paiva, S. R.; Albuquerque, M. S. M.; Mariante, A. S.; Almeida, L. D.; Castro, S. R.; Grattapaglia, D. 2007. Microsatellite based genetic diversity and relationships among ten creole and commercial cattle breeds raised in Brazil. *BMC Genetics* 8:83.

Marshall, T. 2001. *Cervus Version 2.0*. University of Edinburgh.