HAPLOGRUPOS DEL CROMOSOMA Y EN LA CABRA BERMEYA DE ASTURIAS Y OTRAS RAZAS ESPAÑOLAS.

Royo, L.J. [1], Pérez-Pardal, L. [1], Azor, P.J. [2], Álvarez, I. [1], Rincón, C. [1], Fernández, I. [1], Guerra, V. [3], Gutiérrez, J.P. [4] y Goyache, F. [1]
[1]SERIDA-Somió, C/ Camino de los Claveles 604, 33203-Gijón (Asturias), e-mail: fgoyache@serida.org; [2]Departamento de Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba. Campus Universitario de Rabanales, 14071 Córdoba; [3]ACRIBER (http://www.cabrabermeya.com/), 3355-Poo de Cabrales s/n (Asturias), [4]Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM. Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040 Madrid

INTRODUCCIÓN

Mediante la secuenciación de fragmentos de los genes AmelY y ZFY, Pidancier et al. (2006) identificaron 3 haplogrupos en el cromosoma Y de la cabra doméstica (Capra hircus). Dos de ellos (C1 y C2) son los más frecuentes y están ampliamente distribuidos por todo el mundo (Europa, Asia y África) sin que exista estructura geográfica; el tercero (C3) es muy raro (Pidancier et al., 2006). En el trabajo de Pidancier et al. (2006), único estudio realizado hasta el momento sobre diversidad en el cromosoma Y de cabras, sólo se incluyeron 7 muestras de la Península Ibérica, 2 de ellas de España.

La cabra Bermeya es una población de gran importancia histórica y cultural en el ámbito asturiano que se encuentra en grave recesión debido al despoblamiento rural y a la introducción, en el Oriente de Asturias, de animales de tipo Pirenáico (Figueroa et al., 2003). La cabra Bermeya se explota en dos subpoblaciones geográficas, Oriental y Occidental, que se encuentran en aislamiento reproductivo desde, al menos, el último tercio del siglo XX y que presentan notables diferencias productivas y de tipo (Álvarez et al., 2008). El objetivo de este trabajo, es realizar una evaluación preliminar de la diversidad genética en el cromosoma Y de las dos subpoblaciones de cabra Bermeya de Asturias utilizando los SNP descritos por Pidancier et al., 2006. Un conjunto de individuos de otras razas caprinas españolas se utilizará como referencia.

MATERIAL Y MÉTODOS

De manera análoga a lo descrito en Royo et al. (2008) para el diagnóstico de las variantes del color de la capa de los caballos, se han diseñado 3 protocolos de RT-PCR acoplado a sondas fluorescentes, para amplificar 2 fragmentos del gen AmelY y uno del gen ZFY. Estos protocolos permiten el diagnóstico de 3 SNP que, en conjunto, permiten diferenciar los 4 haplogrupos descritos por el momento en el cromosoma Y del género Capra (Pidancier et al., 2006). Los oligonucleótidos y sondas se diseñaron con el software Beacon Designer version 2.0 (Bio-Rad, Barcelona) y se sintetizaron por Sigma-Genosys (Haverhill, UK) y Eurogentec (Liege, Bélgica). Las reacciones de PCR se llevaron a cabo en el iCycler iQ Real-Time PCR detection system (Bio-Rad Laboratories,Hercules, CA). La Tabla 1 describe las sondas y condiciones PCR utilizadas.

Se han genotipado muestras de machos de 6 razas autóctonas españolas (Bermeya, 38; Blanca Andaluza, 6; Guadarrama, 13; Malagueña, 2; Murciano Granadina, 23; Payoya, 3) además de una muestra de macho de cabra montés de la Sierra de Gredos (Capra pyrenaica), lo que hace un total de 86 muestras analizadas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos para los 3 SNP estudiados y el haplogrupo al que pertenece cada muestra se muestran en la Tabla 2. Solamente se detectaron los dos haplogrupos más comunes en cabra doméstica, denominados C1 y C2 por Pidancier et al. (2006). El haplogrupo C1 es ampliamente mayoritario en la muestra analizada y único en todas las

razas estudiadas, excepto la Bermeya en sus dos subpoblaciones geográficas y la Malagueña, donde aparece el haplogrupo C2. El cromosoma Y del individuo salvaje (Capra *pyrenaica*) también se asignó al haplogrupo C2.

Los análisis de los orígenes de las poblaciones de cabra doméstica en España utilizando ADN mitocondrial señalan una situación similar al que ahora se identifica en la línea paterna: la existencia de dos haplogrupos, uno mayoritario y otro raro. En concordancia con Luikart et al. (2001), Amills et al. (2004) y Azor et al. (2005) describieron la existencia de un haplogrupo mitocondrial mayoritario (A) en las cabras españolas, con apenas unas pocos ejemplares con un segundo haplogrupo (C) minoritario (Azor et al., 2005), encontrado en razas caprinas del sur de la Península Ibérica. Recientemente, se han encontrado animales de la subpoblación occidental de la raza Bermeya con el haplogrupo C, lo que parece indicar que su distribución puede ser más amplia de lo inicialmente pensado (Royo et al., 2009).

Los resultados preliminares que se presentan en esta comunicación indican una heterogeneidad en los orígenes del ganado caprino de España. Esta heterogeneidad sería identificable tanto en la línea materna como paterna. Los SNP utilizados son un indicador importante de la diversidad del cromosoma Y caprino, pero probablemente insuficiente para apoyar o rechazar la hipótesis de un origen múltiple de la cabra doméstica por la vía paterna. En futuros análisis, se pretende evaluar la variabilidad genética dentro de haplogrupos, añadiendo la información proveniente del polimorfismo de microsatélites específicos del cromosoma Y caprino.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Álvarez, I., Royo, L. J., Fernández, I., Gutiérrez, J. P., Pérez-Pardal, L., Guerra, V., Rincón, C., Traoré, A. & Goyache F. 2008. ITEA 104: 290-294. • Amills, M., Capote, J., Tomàs, A., Kelly, L., Obexer-Ruff, G., Angiolillo, A. & Sanchez, A. 2004. J. Dairy Res. 71: 257-262. • Azor, P.J., Monteagudo, L.V., Luque, M., Tejedor, M.T., Rodero, E., Sierra, I., Herrera, M., Rodero, A. & Arruga, M.V. 2005. Anim. Genet. 36: 423–5. • Figueroa, P., Fernández, I., Gómez, E., Royo, L.J., Álvarez, I. & Goyache, F. 2003. AGRI 33: 57-71 • Luikart, G., Gielly, L., Excoffier, L., Vigne, J. D., Bouvet, J. & Taberlet, P. 2001. PNAS 98: 5927–5932. • Pidancier, N., Jordan, S., Luikart, G. & Taberlet, P. 2006. Mol. Phyl. Evol. 40: 739–49. • Royo, L.J., Fernández, I., Azor, P.J., Álvarez, I., Pérez-Pardal, L. & Goyache, F. 2008. J. Anim Sci. 86: 1291-1294 • Royo, L.J., Traoré, A., Tamboura, H.H., Álvarez, I., Kaboré, A., Fernández, I., Ouédraogo-Sanou, G., Toguyeni, A., Sawadogo, L. & Goyache, F. 2009. Anim. Genet. doi:10.1111/j.1365-2052.2008.01828.x

Agradecimientos: Este trabajo se enmarca dentro de los proyectos MEC-INIA RZ07-00002, CGL2005-03761/BOS y CGL2008-03949/BOS. Los autores agradecen la total colaboración de los socios de ACRIBER (http://www.cabrabermeya.com).

Y-CHROMOSOME HAPLOGROUPS IN THE BERMEYA GOAT OF ASTURIAS AND OTHER SPANISH GOAT BREEDS.

ABSTRACT : Here we present preliminary results on the assessment of the Y-chromosome diversity in Spanish goat, particularly focusing on the rare Bermeya goat breed. Three SNPs previously identified on the caprine AmelY and ZFY genes were genotyped using a RT-PCR protocol designed ad-hoc. Sample genotyped included 38 Bermeya males (20 from the Eastern and 18 from the Western subpopulations), 13 males from the Guadarrama breed, 2 from the Malagueña breed, 23 from the Murciano-Granadina, 6 from the Blanca Andaluza and 3 from the Payoya breed. Two different haplogroups were identified: C1, which was predominant in our sample, and C2 which was present in 3 Bermeya males belonging to both

the Eastern and the Western subpopulations as well as in one Malagueña. The present analysis will be the basis of further characterisation of Y-chromosome diversity in Spanish goat using Y-specific microsatellite polymorphism.

Keywords**:** *Y chromosome, SNP, goat.*

Tabla 1*. Secuencias de los cebadores, y sondas utilizados en los protocolos de RT-PCR. También se muestra el tamaño de los amplicones y los marcajes de cada una de las sondas utilizadas.*

Molécula	Reporter 5'	Sequence 5'-3'	Quencher 3'	Tamaño
Cebadores				
AmelY1-up		AGCCTCATCACCACATC		102 pb.
AmelY1-dn		GTTGGATTGGAGTCATGG		
AmelY2-up		CATGGTGCCAGCTCAG		87 pb.
AmelY2-dn		TGGTGTTGGATTGGAGTC		
ZFY2-up		AGGTTTATGAATGTTTTCCC		75 pb.
ZFY2-dn		CGATTAAAATACATGAAGCAG		
Sondas				
AmelY1-C	6-FAM	TGCCAGCTCAGCAGCCTG	BHQ-1	
AmelY1-T	Texas Red	TGCCAGCTTAGCAGCCTG	BHQ-2	
AmelY2-A	HEX	TACCCCAGCAAACAATGATGCC	BHQ-1	
AmelY2-C	Cy5	TACCCCAGCAACCAATGATGCC	BHQ-2	
ZFY2-A	HEX	CTAAGCAAGTATGGCTTTCAA	BHQ-1	
ZFY2-G	Cy5	CTAAGCAAGTGTGGCTTTCAA	BHQ-2	

Tabla 2*. Número de muestras, genotipos y haplotipos correspondientes de cada una de las razas utilizas.*

	Genotipo				
Raza	AmelY-1	AmelY-2	ZFY-2	Haplotipo	N
Bermeya Oriente (20)	C	C	G	C1	19
	C	C	A	C2	1
Bermeya Occidente (18)	C	C	G	C1	16
	C	C	A	C2	2
Blanca Andaluza (6)	C	C	G	C1	6
Guadarrama (13)	C	C	G	C1	13
Malagueña (2)	C	C	G	C1	1
	C	C	A	C2	1
Murciano-Granadina (23)	C	C	G	C1	23
Payoya (3)	C	C	G	C1	3
Montés-Gredos (1)	C	C	A	C2	1