



VIII TALLER INTERNACIONAL DE SEGURIDAD Y SOBERANÍA ALIMENTARIAULO DEL TALLER

DIVERSIDAD GENÉTICA Y HUELLAS DE SELECCIÓN EN LA RAZA CHAROLAIS DE CUBA.

Yoel Rodríguez-Valera¹, Michel Naves², Dominique Rocha³, Yulíaxis Ramayo-Caldas^{3,4,5,6}

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Granma, Cuba; ²UR143, Unidad de Investigación Zootécnica, INRAE, Guadeloupe, Francia; ³GABI, INRA, AgroParisTech, Universidad Paris-Saclay, Francia. ⁴Departamento de Genómica Animal, Centro de Investigación de Agricultura Genómica (CRAG), España. ⁵Programa de Genética y Mejora Animal, Instituto de Investigación y Tecnología Alimentaria y Agrícola (IRTA), Torre Marimon, Caldes de Montbui, 08140, España.

E-mail: yrodvalera@gmail.com; dominique.rocha@inra.fr y yulíaxis.ramayo@irta.cat

1. INTRODUCCION (OBJETIVOS)

La raza Charolais se importó a Cuba directamente desde Francia por primera vez, alrededor de 1900 por el Marqués de la Real Proclamación de Cienfuegos y luego, Ignacio Casas Saumells en el período de 1919 a 1938, introduciéndolos, primero a la finca Caimanes (Santiago de Cuba) y luego a San José del Retiro (Granma), (López et al. 1977), en este último lugar existen desde entonces. Actualmente estos animales pertenecen a la Empresa de Genética y Cría Manuel Fajardo. La estructura y variabilidad genética del Charolais de Cuba (CHCU) y su relación con otras razas no ha sido bien estudiada hasta la fecha. Un estudio pionero en este campo fue realizado utilizando grupos sanguíneos (Ribas 1981), en el mismo se reportó una alta variabilidad en el CHCU y similar composición genética con el Charolais francés (CHA), así como diferenciación con otras razas como el Holstein, Santa Gertrudis, Criollo y Cebú. En relación con esta última, Ribas 1981 reportó la presencia de un alelo de baja frecuencia U¹ encontrado solo en el Cebú, lo cual sugiere una posible introgresión de Bos indicus en la formación/establecimiento de la raza CHCU.



El objetivo de este trabajo es estimar la estructura de la población y el posible origen ancestral del CHCU, mediante el genotipado de SNPs usando el Chip de Illumina BovineSNP50, así como identificar posibles huellas de selección reciente en el genoma que pudieran tener un rol importante en la adaptación a condiciones tropicales.

2. DESARROLLO

MUESTREO, GENOTIPADO Y RESULTADOS

Un total de 40 CHCU fueron muestreados mediante biopsia del pabellón auricular, usando la tecnología NextGen (Allflex). El DNA de las 40 muestras fue extraído y genotipado utilizando Bovine 50K BeadChip (Illumina Inc., San Diego, USA) en el Laboratorio LABOGENA (Jouy-en-Josas, France). Los datos brutos fueron chequeados y analizados con el software Genome Studio (Illumina).

Estructura y diversidad genética del Charolais de Cuba

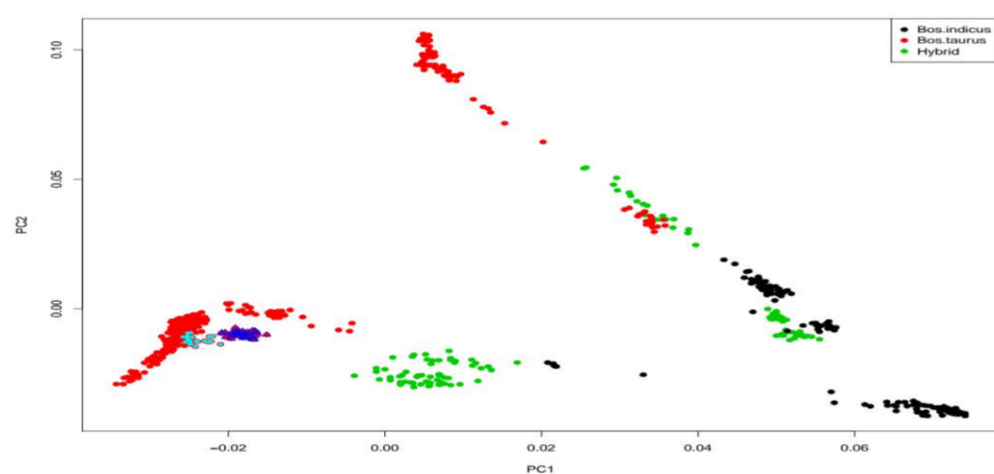
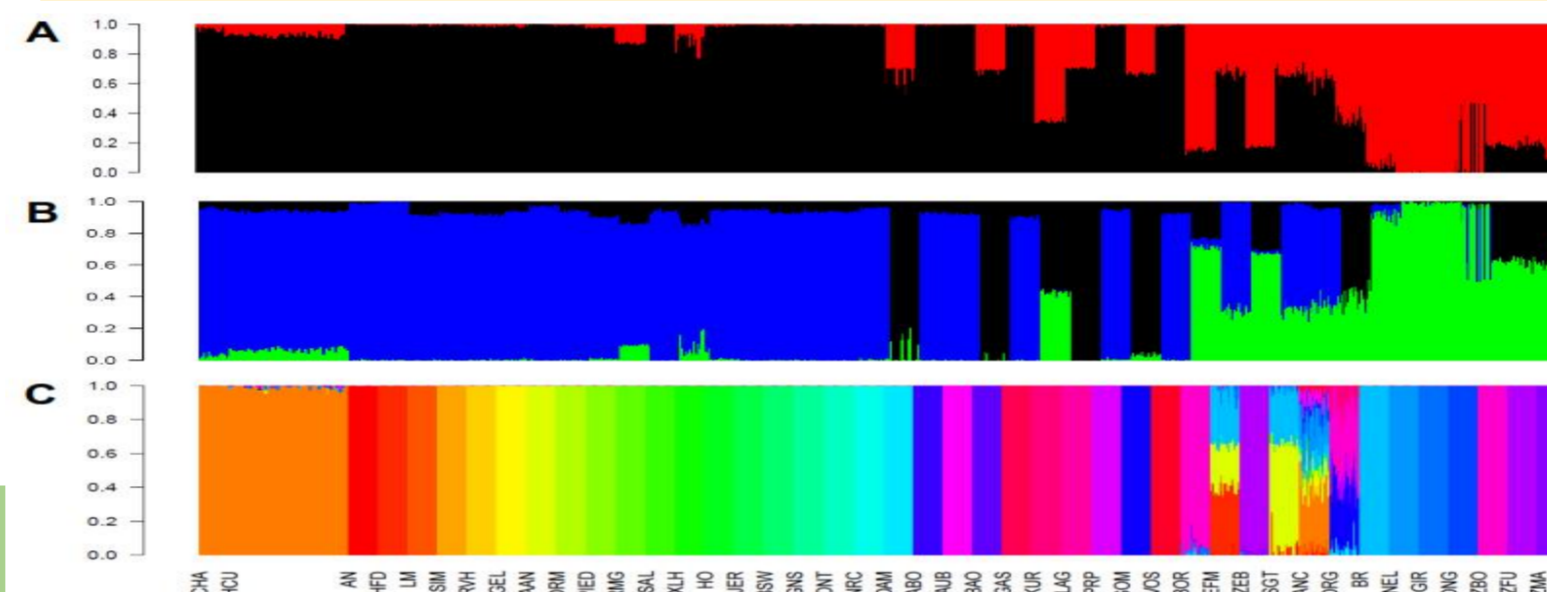


Figura 1. Análisis de componentes principales (ACP).

La figura 1 muestra la diferenciación entre Bos tauros y Bos indicus de acuerdo con (Porto-Neto. et al. 2013; Decker et al. 2014). Se observa además que las muestras CHCU se agrupan dentro del clúster, Bos tauros, próximo pero diferenciados del CHA (Figura 1). África, verde: Asia, rojo: Europa azul: CHCU y CHA azul claro respectivamente.

Análisis de ancestría. Modelos supervisados (k=2, A), (k=3, B) y no supervisado (k=37, C).



Los resultados del análisis de ADMIXTURE considerando dos posibles ancestros k=2 corroboran los resultados obtenidos en el ACP, se estimó que el CHCU presenta una composición de Bos tauros del 93% y un pequeño porcentaje de Bos indicus 7%. Al utilizar un k=3, de acuerdo con estudios previos (Decker et al. 2014), se detecta una posible introgresión de Bos tauro africano en CHA, y consecuentemente en la población de CHCU. Este hallazgo coincide.

Rutas Metabólicas Codificadas en las Regiones Modificadas en CHCU



En la Figura 2C las muestras de CHCU fueron asignadas dentro del clúster de CHA con una composición de 94% de alelos de CHA. Somos conscientes de las limitaciones de nuestro estudio para identificar alelos de origen Bos indicus en CHCU debido al sesgo de diseño del Chip de Illumina 50K. Basados en los resultados del análisis de ADMIXTURE no se puede excluir la posibilidad de una pequeña introgresión o contribución de Bos indicus en el desarrollo de CHCU, sugerido previamente (López et al. 1977 y Ribas, 1981).

3. CONCLUSIONES

En nuestro trabajo presentamos el primer estudio que basado en SNPs describe la estructura y diversidad genética del CHCU y sus relaciones con otras razas. Los resultados sugieren un claro origen Bos tauros del CHCU y su relación con CHA. Se identificaron regiones del genoma con señales de selección reciente entre CHCU y CHA que evidencian procesos biológicos relacionados con la adaptación a condiciones tropicales como la inmunidad, procesos metabólicos, tolerancia al calor. Estudios posteriores de estas rutas metabólicas contribuirán al conocimiento de las bases moleculares relacionadas con los procesos adaptativos del ganado a condiciones tropicales.

4. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Decker, E. J. et al. Worldwide Patterns of Ancestry, Divergence, and Admixture in Domesticated Cattle. PLoS Genet 10, e1004254 (2014).
2. López, D., Miriam, R., Díaz, J. & Menéndez, A. Introducción y desarrollo del Charolais en Cuba. En: El Charolais cubano. (Editorial Científico-Técnica, 1977).
3. Porto, L. R. N. et al. Genomic divergence of zebu and taurine cattle identified through high-density SNP genotyping. BMC Genomics 14, 876 (2013).
4. Ribas, M. Gene frequencies in the blood group systems of the Cuban Charolais. Ann. Génét. Sé. Anim. 13, 293-300 (1981).
5. Weir, B. S. & Cockerham, C. C. Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. Evolution (N. Y). 38, 1358 (1984).

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo fue financiado por la división de Genética del INRAE como parte del proyecto CHACUBA, además, la embajada de Francia en Cuba y el INRAE aportaron el financiamiento de movilidad internacional y estancia en Francia para Y. Rodríguez-Valera (Cuba). El financiamiento para la participación de Y. Ramayo-Caldas fue otorgado por la convocatoria Marie Skłodowska-Curie del programa europeo de investigación e innovación según acuerdo No 6655919. Fue importante la participación del Dr. Yurian Ramayo Pérez, la Empresa Genética y Cría Manuel Fajardo, productores de la granja San José del Retiro, así como el Departamento de Genética Nacional del Ministerio de Agricultura de Cuba por el apoyo logístico durante la toma de muestra.