

## Caracterización genética del pavo domestico de traspatio mexicano

Canales, A.M.<sup>®1</sup>; Landi, V.<sup>2</sup>; Martínez, A.M.<sup>2</sup>; Macri, M.<sup>2</sup>; Pizarro, G.<sup>2</sup>; Delgado J. V.<sup>2</sup>; Cervantes, P.<sup>3</sup>; Hernández, A.<sup>3</sup>; Camacho, E.<sup>4</sup>.

<sup>1</sup>Grupo de Investigación "Mejora y Conservación de los Recursos Genéticos de los Animales Domésticos" (AGR-218). Departamento de Genética. Universidad de Córdoba, Córdoba (España).

<sup>2</sup>Animal Breeding Consulting S.L. Córdoba, España.

<sup>3</sup>Facultad de medicina veterinaria y zootecnia. Universidad Veracruzana, Veracruz (México).

<sup>4</sup>IFAPA Alameda del Obispo, Córdoba.

### RESUMEN

El pavo de traspatio mexicano es una raza autóctona en peligro de extinción, ya que en la actualidad se ha perdido la costumbre de conservar los recursos genéticos autóctonos de cada población, procurando el cruzamiento con animales de líneas comerciales para la producción de carne de pavo, dañando y perdiendo el acervo genético de los pavos autóctonos de México. El objetivo del presente trabajo es realizar la caracterización genética del pavo de traspatio mexicano mediante el uso de microsatélites y estudiar la posible estructura genética de esta población. Se analiza un panel de 38 microsatélites en 51 muestras de pavo de traspatio, tomadas de diferentes zonas de la ciudad de Veracruz, México. Se han evaluado los principales parámetros de diversidad genética: heterocigosidad esperada y observada, número de alelos, estadísticos F y Análisis Factorial de Correspondencia mediante el programa informático GENETIX. Se calculan las distancias genéticas entre individuos (DSA) con las que se ha construido un dendrograma utilizando el programa POPULATIONS. El árbol se visualiza con el programa TREEVIEW. Se estudia la estructura genética con el programa STRUCTURE. Todos los microsatélites utilizados han resultado polimórficos, encontrándose un mínimo de 2 alelos en el microsatélite MNT 264 y un máximo de 14 alelos en los marcadores MNT274 y RHT024, con un número medio de alelos de 6.79. Los valores medios de HE y HO son 0.619 y 0.620 respectivamente. Los estadísticos F muestran los siguientes valores en el total de la muestra: FIS 0.128 (P <0.05), FIT 0.152 (P <0.05) y FST0.027, (P <0.05). La población de pavo de traspatio caracterizada no presenta subestructuras genéticas.

### Genetic characterization of the domestic turkey of Mexican backyard

#### SUMMARY

The mexican backyard turkey, is a native breed in danger of extinction, at present the habit of conserving the native genetic resources of each population has been lost, trying to cross animals with commercial lines for the production of turkey meat, damaging and losing the genetic stock of native turkeys in México. The objective of this work is to carry out the genetic characterization of the mexican transfer turkey using microsatellites and to study the possible genetic structure of this population. A panel of 38 microsatellites is analyzed in 51 samples of transfer turkey, taken from different areas of the city of Veracruz, México. The main parameters of genetic diversity have been evaluated: expected and observed heterozygosity, number of alleles, F statistics and Correspondence Factor Analysis using the GENETIX software. Genetic distances between individuals (DSA) with which a dendrogram has been constructed using the POPULATIONS program are calculated. The tree is displayed with the TREEVIEW program. The genetic structure is studied with the STRUCTURE program. All microsatellites used polymorphic results, with a minimum of 2 alleles found on the MNT 264 microsatellite and a maximum of 14 alleles on the MNT274 and RHT024 markers, with an average number of alleles of 6.79. The average values of HE and HO are 0.619 and 0.620 respectively. The following F statistics show the following values in the total sample: FIS 0.128 (P <0.05), FIT 0.152 (P <0.05) and F<sub>ST</sub> 0.027, (P <0.05). The characterized backyard turkey population does not have genetic substructures.

#### PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Raza autóctona.

Microsatélites.

Alelos.

Subestructura genética.

#### ADDITIONAL KEYWORDS

Native breed.

Microsatellites.

Alleles.

Genetic substructure.

#### INFORMATION

Cronología del artículo.

Recibido/Received: 03.07. 2019

Aceptado/Accepted: 14.10.2019

On-line: 15.10.2019

Correspondencia a los autores/Contact e-mail:

mcanales87@hotmail.com

### INTRODUCCIÓN

El pavo actual o *Meleagris gallopavo* evolucionaron de un ancestro que cruzó el estrecho de Bering cuando

Alaska estaba conectada con Eurasia (Steadman 1980). Los principales descubrimientos fósiles de antecesores de los guajolotes se han hallado en el sur de los Estados Unidos y en el norte de México, los restos fósiles más

antiguos que se han encontrado son de la época Pleistoceno, se menciona que el extinto pavo de California *Meleagris californica* (Cracraft 1968; Miller 1940), el cual estuvo aislado en California durante el Mioceno, posee un alto grado de similitud con *Meleagris gallopavo*, lo que sugiere que ambas especies tuvieron una presión de selección semejante. Se menciona que durante el Pleistoceno el género *Meleagris gallopavo* fue importado al suroeste de Estados Unidos desde Mesoamérica, siguiendo la misma ruta de dispersión de los cultivos y posteriormente diseminado por todo México. Se tiene documentado que su domesticación empieza en México entre los años 200 y 700 AC, por culturas prehispánicas, fueron los mayas los primeros en domesticar al guajolote salvaje o pavo, casi dos mil años antes de los aztecas. Los pueblos mesoamericanos, los Olmecas, Chichimecas, Totonacas, Zapotecas, los Teotihuacanos, los Toltecas y por últimos los Aztecas, es con ellos donde cobro mayor importancia la cría de esta especie.

Al pavo (*Meleagris gallopavo*) en México se le denomina guajolote, ya sea silvestre o doméstico, en la península de Yucatán es conocido como pavo de monte o guajolote, que junto con el género *Meleagris* pertenecen a la familia Meleagridae; ambos géneros tienen su origen en territorio americano (Steadman 1980). Además del termino guajolote, en México existen más de 30 términos diferentes para denominar popularmente a los pavos, en algunos lugares todavía se usan términos como: bimbo, cóbori, cócono, conche, chumbo, chompipe, gallina de la tierra, ganso, guajolote, guanajo, guaraca, güilo, güijolote, jolote, momaco, pavo, picho, pípilo, pisco, tocayo, totole, torque, tunto, gallo de papada, gallipavo, pavipollo, gallina de la sierra, cune, totol, totoli, colunos, pili, güecho, huacholo (Hernández-Sánchez 2006; Kiddle 1941), sin contar la denominación propia de cada una de las 62 lenguas indígenas que aún se conservan en México; como ejemplo, tan sólo en la región de la costa de Oaxaca, además del Castellano se usa la lengua mixteca que denomina "colo" al pavo, en idioma zapoteco "verté" y en dialecto chatino "pií" (Hernández-Sánchez 2006).

En México existen varios sistemas de producción de *Meleagris gallopavo* (MG) para abastecer el mercado nacional e internacional, pero el más común en las zonas rurales es el sistema de traspatio, que se refiere a la crianza de pavo domestico que se asocia a la explotación agrícola rural, con métodos tradicionales y en instalaciones rusticas que aprovechan el propio entorno de la vivienda y la participación de la familia (Díaz 1976; Jerez Salas, Herrera Haro & Vásquez Dávila 1994). La crianza del guajolote la realizan productores rurales y grupos indígenas, los cuales han preservado el sistema tradicional de crianza del guajolote autóctono, cuya calidad de carne y preferencia en la cocina mexicana forman parte del patrimonio cultural de la población rural del país, su explotación se ha desarrollado en perfecta armonía con las aves locales de corral, alimentándose con pequeñas cantidades de granos de maíz, desperdicios de cocina, insectos, gusanos y residuos de la alimentación de otras especies (Camacho-Escobar et al. 2014).

En México, se han realizados pocos estudios relacionados con la conservación de especies avícolas, y

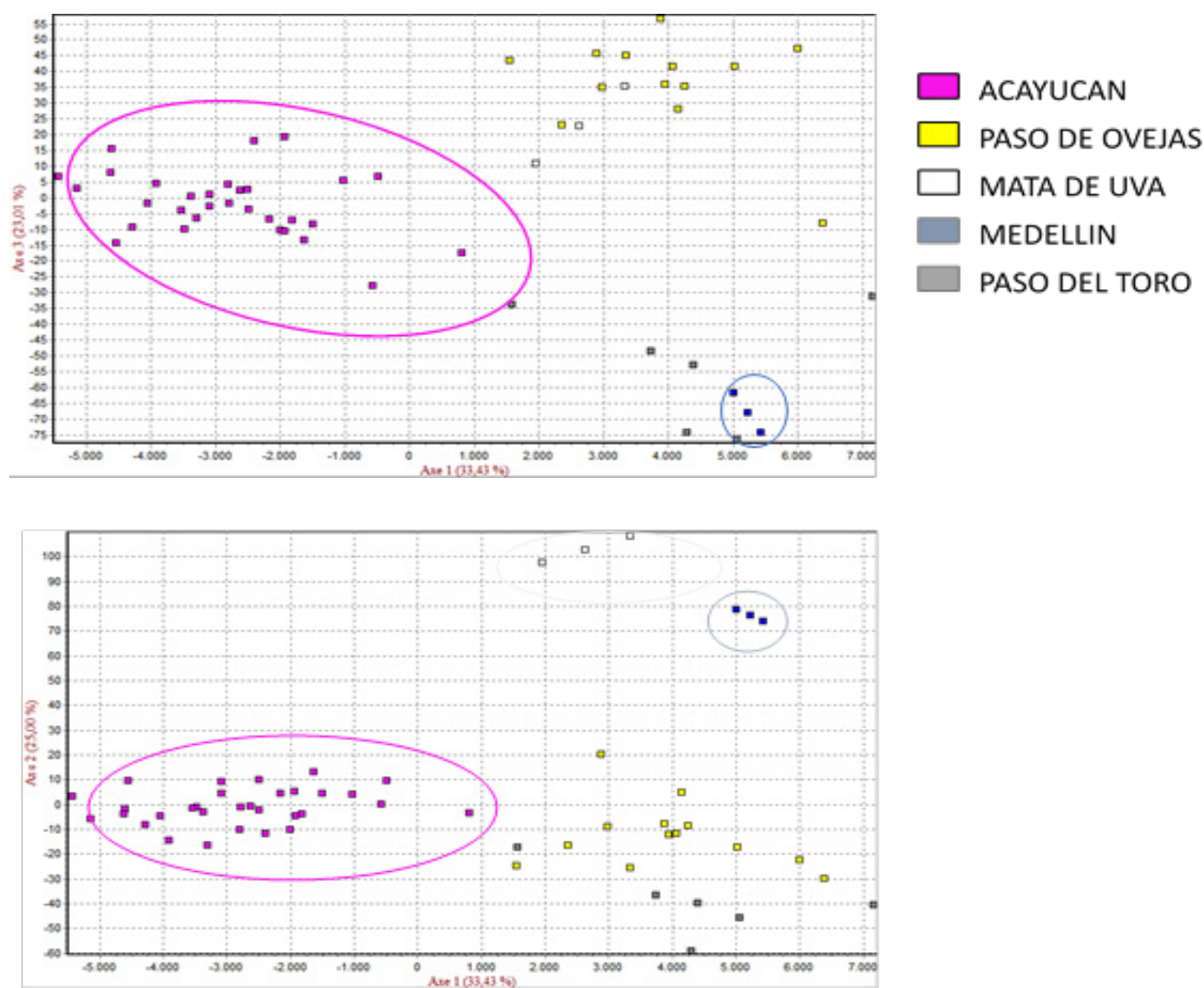
estos generalmente describen a los diferentes tipos de animales en forma muy general, debido a que no realizan mediciones directas al animal, sino más bien se basan en preguntas y respuestas tipo encuesta directa con el productor. Aun cuando es una especie económicamente importante, se desconocen muchos aspectos genéticos, características únicas y posible proyección a futuro

El objetivo del presente estudio es realizar la caracterización genética del guajolote autóctono criado en sistema de traspatio en varias regiones del Estado de Veracruz, mediante el uso de microsatélites con el fin de estudiar la posible estructura genética de esta población para la conservación de recursos avícolas autóctonos.

## MATERIAL

Para el estudio de diversidad se han analizado muestras de pavo domestico de traspatio (pavo autóctono), obtenidas de diferentes propietarios del Estado de Veracruz, México, de diversas zonas rurales. Para el estudio se incluyen 14 muestras de la zona rural de Paso de Ovejas, 2 muestras de la zona de Medellín, 2 muestras de la zona rural de Mata de Uva, 5 muestras de la zona de Pasto del Toro y 18 muestras de zonas rurales de Acayucan. Las muestras de sangre se han recogido en papel absorbente, cada muestra ha sido debidamente identificada y guardadas en el laboratorio Animal Breeding Consulting sl. Se extrajo el ADN de cada muestra de sangre incubando 3 perforaciones 2 mm<sup>2</sup> de circunferencia de papel de filtro impregnado con sangre en 100 µL de una solución de agua al 5% de resina Chelex (Bio-Rad, Hércules, California, EE. UU.), se procedió a incubar el producto a 95° C durante 10 min y luego a 99 ° C durante 3 min. El lisado se centrifugo un minuto a 2000 RCF, y el sobrenadante resultante se almacenó a -20 ° C.

Se han amplificado mediante la técnica de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) 38 microsatélites, de los cuales se tomaron de referencia de un panel sometido y en revisión para el estudio de diversidad en pavos (Canales A.M et al. sometido) : MGP018, MNT011, MNT013, MNT014, MNT247, MNT258, MNT264, MNT266, MNT274, MNT282, MNT288, MNT294, MNT295, MNT297, MNT318, MNT321, MNT331, MNT344, MNT348, MNT353, MNT361, MNT374, MNT386, MNT389, MNT391, MNT393, MNT411, RHT009, RHT024, RHT216, TUM016, TUM020, TUM023, W075, W077, WT054, WT083 y WT90. Para la Reacción de cadena de la Polimerasa (PCR) se utilizaron los protocolos de amplificación utilizados por Canales A.M et al. 2019, en el que se amplifican 3 geles diferentes (gel 1, 14 microsatélites, gel 2, 14 microsatélites y gel 3, 10 microsatélites) en reacciones de 10 µL que contenían 2 µL de lisado de Chelex (20 ng de ADN genómico), 1X MytaqHS 5X buffer (Bioline GmbH, Luckenwalde, Alemania), 0.5 U de Mytaq HS Polymerase (Bioline), 0.3 µM de fluorescencia de la cola M13 correspondiente a cada oligo, 0.22 µM de cada cebador marcado con cola M13 y 0.6 µM cada cebador revers.



**Figura 1.** Análisis Factorial de Correspondencia de las 5 poblaciones autóctonas de traspatio de las zonas rurales de Veracruz (Factorial Correspondence Analysis of the 5 indigenous populations of backyard in the rural areas of Veracruz).

El protocolo de PCR consiste en dos pasos: 3 minutos a 95 ° C para la activación de la Taq polimerasa, 35 ciclos de 95 ° C durante 30 segundos seguidos de 3 minutos a la temperatura de hibridación específica de cada una de las múltiples diseñadas, y una etapa de extensión final de 60 ° C 20 min. Para realizar la separación por tamaños de los fragmentos obtenidos mediante PCR se han sometido éstos a una electroforesis en un secuenciador capilar ABI 3130XL (Life Technologies, Foster City, CA, USA) con polímero POP7 y ocupando el estándar de tamaños GeneScan500-LIZ (Life Technology). El análisis de los fragmentos y la tipificación alélica se ha realizado mediante los programas informáticos Genescan Analysis® 3.1.2 y Genotyper® 2.5.2. Se ha calculado el número medio de alelos por locus (MNA), la heterocigosis esperada ( $H_e$ ) y observada ( $H_o$ ) y el Contenido de Información Polimórfica (PIC) utilizando el software MICROSATELLITE TOOLKIT de Excel (Park, 2001). El número efectivo de alelos se ha calculado con el programa POPGENE v1.32 (Yeh et al. 1997). El coeficiente de diversidad genética intrapoblacional ( $F_{IS}$ ) con un intervalo de confianza del 95% después de 1000 iteraciones se ha calculado utilizando el programa GENETIX v4.04 (Belkhir & Borsa) y se ha

realizado una prueba de equilibrio Hardy-Weinberg con la corrección de Bonferroni con el programa CER-VUS v3.0.3 (Kalinowski, Taper & Marshall 2007).

Se ha realizado un estudio de estructura genética para determinar si hay subpoblaciones en las zonas que se muestrearon, para ello, se ha realizado un Análisis Factorial de Correspondencia con el programa GENETIX v4.04 (Belkhir & Borsa) y se han calculado las distancias genéticas entre individuos (Bowcock et al. 1994) con las que se ha construido un dendrograma utilizando el programa POPULATIONS v1.2.28 (Langella 1999). El árbol se ha visualizado con el programa TREEVIEW (Page 1996). Se ha realizado un análisis de la estructura de las cuatro variedades utilizando un algoritmo bayesiano del programa de análisis STRUCTURE v 2.1 (Pritchard, Stephens & Donnelly 2000).

## RESULTADOS

Los resultados de los parámetros de diversidad genética de los pavos de traspatio que se recolectaron por marcador, están recogidos en la **Tabla I**. Todos los microsatélites han resultado polimórficos, encontrándose

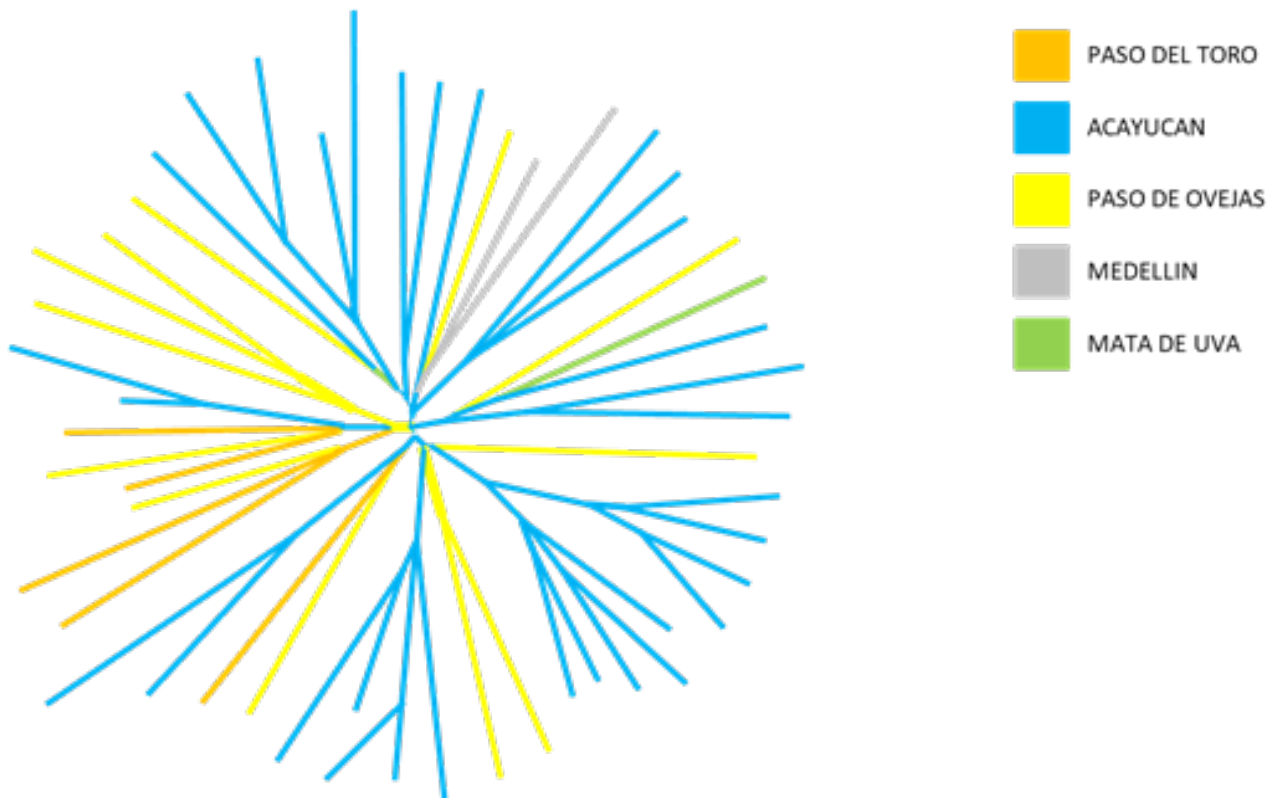


un mínimo de 2 alelos en el microsatélite MNT 264 y un máximo de 15 alelos en el microsatélite MNT247, con un número medio de alelos de 6.79. El número efectivo de alelos oscila entre un mínimo de 1.17 en el marcador MNT 294 y un máximo de 6.28 en el MNT 247, con valor promedio de 6.28. La heterocigosidad esperada más alta la presenta el marcador RHT024 con un valor de 0.892 y la más baja el MNT294, con un

valor de 0.147 (Tabla I). Los valores de heterocigosidad observada oscilan entre un máximo de 0.740 para los marcadores MNT393 y un mínimo de 0.118 para el MNT294. De los 38 marcadores amplificados 24 son muy informativos a la hora de detectar variabilidad genética en las poblaciones de pavo de traspatio, con valores de PIC superiores a 0,50. El resto de los marcadores han resultado ser medianamente informativos en

**Tabla I.** Microsatélites analizados, número de alelos detectados, número efectivo de alelos, heterocigosis observada y esperada, contenido de información polimórfica,  $F_{IS}$  con su intervalo de confianza al 95% con 1000 remuestreos y desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg (Microsatellites analyzed, number of alleles detected, effective number of alleles, observed and expected heterozygous, polymorphic information content,  $F_{IS}$  with 95% confidence interval with 1000 resamplings and Hardy-Weinberg balance deviations).

Microsatélite	Nº Alelos	Ae	Ho	He	PIC	$F_{IS}$	$F_{IS}$ (IC)	HW
MGP018	8	5.01	0.740	0.808	0.772	0.124	(0.063 - 0.185)	ND
MNT011	4	2.03	0.479	0.513	0.436	0.053	(-0.005 - 0.110)	NS
MNT013	8	5.27	0.714	0.818	0.785	0.164	(0.097 - 0.228)	ND
MNT014	3	2.32	0.265	0.574	0.497	0.162	(0.106 - 0.219)	***
MNT247	15	6.28	0.745	0.849	0.824	0.053	(-0.015 - 0.116)	ND
MNT258	4	2.25	0.451	0.562	0.515	0.256	(0.198 - 0.313)	NS
MNT264	2	1.54	0.373	0.353	0.288	0.193	(0.140 - 0.240)	ND
MNT266	9	3.83	0.556	0.747	0.697	0.624	(0.418 - 0.795)	NS
MNT274	14	5.31	0.429	0.820	0.793	0.081	(0.013 - 0.152)	NS
MNT282	8	3.67	0.667	0.735	0.694	0.08	(0.018 - 0.146)	NS
MNT288	4	2.61	0.549	0.623	0.546	0.065	(0.022 - 0.109)	NS
MNT294	3	1.17	0.118	0.147	0.138	0.056	(-0.009 - 0.122)	ND
MNT295	5	3.29	0.740	0.703	0.650	0.232	(0.160 - 0.298)	NS
MNT297	8	2.87	0.569	0.658	0.601	0.167	(0.089 - 0.241)	NS
MNT318	2	1.76	0.471	0.435	0.338	0.141	(0.076 - 0.208)	NS
MNT321	9	4.32	0.721	0.778	0.738	0.221	(0.169 - 0.272)	NS
MNT331	7	4.45	0.565	0.784	0.743	0.133	(0.074 - 0.189)	ND
MNT344	8	2.79	0.543	0.648	0.601	0.174	(0.080 - 0.272)	NS
MNT348	7	1.67	0.275	0.405	0.367	0.251	(0.151 - 0.349)	ND
MNT353	4	1.58	0.431	0.373	0.349	0.245	(0.187 - 0.302)	ND
MNT361	7	2.82	0.571	0.653	0.619	0.097	(0.034 - 0.163)	NS
MNT374	6	1.86	0.373	0.467	0.437	0.161	(0.093 - 0.226)	ND
MNT386	8	1.85	0.510	0.465	0.447	0.209	(0.138 - 0.273)	ND
MNT389	9	3.54	0.725	0.725	0.688	0.049	(0.001 - 0.094)	NS
MNT391	6	2.39	0.490	0.588	0.521	0.115	(0.062 - 0.174)	NS
MNT393	9	5.28	0.784	0.818	0.785	0.025	(-0.052 - 0.107)	ND
MNT411	9	3.51	0.460	0.722	0.688	0.263	(0.122 - 0.405)	NS
RHT009	4	2.69	0.673	0.635	0.553	0.164	(0.034 - 0.292)	NS
RHT024	14	8.46	0.543	0.892	0.870	0.231	(0.171 - 0.287)	ND
RHT216	9	3.22	0.673	0.696	0.639	0.280	(0.214 - 0.351)	NS
TUM016	4	1.47	0.327	0.322	0.298	0.015	(-0.179-0.216)	ND
TUM020	14	4.93	0.723	0.806	0.783	0.102	(-0.010 - 0.208)	NS
TUM023	5	2.96	0.733	0.670	0.595	0.096	(-0.299 - 0.073)	NS
W075	4	2.1	0.356	0.531	0.473	0.332	(0.112 - 0.532)	*
W077	4	2.51	0.596	0.608	0.524	0.019	(-0.204 - 0.241)	NS
WT054	6	2.62	0.608	0.625	0.587	0.027	(-0.126 - 0.165)	NS
WT083	3	1.82	0.314	0.456	0.390	0.314	(-0.001 - 0.565)	ND
WT90	5	2.11	0.314	0.534	0.496	0.327	(0.076 - 0.533)	NS
Media	6.79	3.16	0.620	0.619	0.572	0.166	(0.091 - 0.175)	



**Figura 2.** Árbol de distancias individuales DSA de las 5 poblaciones de pavo autóctono de las zonas rurales de traspatio mexicano (Tree of DSA individual distances of the 5 indigenous turkey populations of rural areas of Mexican backyard).

esta población y presentaron valores de PIC entre 0,25 y 0,50, solo un marcador MNT294 fue poco informativo con un valor de 0.138. Dos marcadores se desvían significativamente del equilibrio Hardy-Weinberg tras la corrección de Bonferroni. El coeficiente de diversidad intrapoblacional ( $F_{IS}$ ) muestra que 28 marcadores detectan un exceso de homocigotos significativos. El valor medio de  $F_{IS}$  de los microsatélites utilizados es de 0.166 y es significativamente diferente de cero, lo que indica que el pavo autóctono de traspatio muestra una desviación significativa del equilibrio Hardy-Weinberg. Los estadísticos  $F$  muestran los siguientes valores en el total de la muestra:  $F_{IS}$  0.128 ( $P < 0.05$ )  $F_{IT}$  0.152 ( $P < 0,05$ ) y  $F_{ST}$  0.027 ( $P < 0.05$ ) como se observa en la **Tabla II**.

**ESTRUCTURA GENÉTICA DEL PAVO AUTÓCTONO DE TRASPATIO MEXICANO**

En el análisis factorial de correspondencia se observa que en el eje 2 y en el 3 se separan las poblaciones de Acayucan, en el eje 2 se separan las poblaciones de Medellín y Mata de uva. En el eje 2 las poblaciones de Paso de Ovejas y Mata de Uva se agrupan en un solo grupo (**Figura 1**).

En el árbol de distancias individuales (**Figura 2**) cada individuo se representa por una línea y se observa que no es posible diferenciar agrupamientos en función a las zonas rurales, aunque si se observa que los individuos de la población de Acayucan se agrupan mejor que el resto.

Los resultados del programa Structure se encuentran en la **Figura 3**. El análisis se ha realizado con 300000 iteraciones de Burning y con número de interacciones de Cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC) de 600000. Cada zona rural se muestra en una

barra vertical y cada color representa la proporción del clúster correspondiente en forma proporcional. El  $K=4$  Según Evanno, Regnaut and Goudet (2005), es el  $k$  óptimo (**Figura 4**) y se puede observar que las poblaciones no se encuentran estructuradas, solo la población de Acayucan está un poco uniforme.

**DISCUSIÓN**

Los 38 marcadores obtuvieron una  $H_0$  mayor a 0.1, según Ott (1992), un locus es polimórfico cuando  $H_0$  es superior a 0.1 y altamente polimórfico si es superior a 0.7, se observa que la media de la  $H_0$  (0.620) supera a 0.1 indicando que los microsatélites que se ocuparon para este estudio son polimórficos, estudios previos en pavos han reportado  $H_0$  por locus de 0.533 en 144 individuos (López-Zavala et al. 2013), 0.09 en 94 individuos en cinco variedades de pavo domesticados en Estados Unidos (Smith et al. 2005), en otros estudios de otras especies animales como en gallinas, se han reportado valores de 0.456 en 15 poblaciones (Ceccobelli et al. 2015) y 0.460 en 64 poblaciones de gallinas (Granevitze

**Tabla II.** Resultados de los estadísticos  $F$  obtenidos en las poblaciones de pavo autóctono de traspatio de la zona de Veracruz, con su intervalo de confianza (Results of  $F$  statistics obtained in the populations of local traspatio turkey in the Veracruz area, with their confidence interval).

Estadísticos $F$	Valor con intervalo de confianza
$F_{IS}$	0.128 ( 0.077 - 0.179)
$F_{IT}$	0.152 ( 0.100 - 0.205)
$F_{ST}$	0.027 ( 0.014 - 0.039)

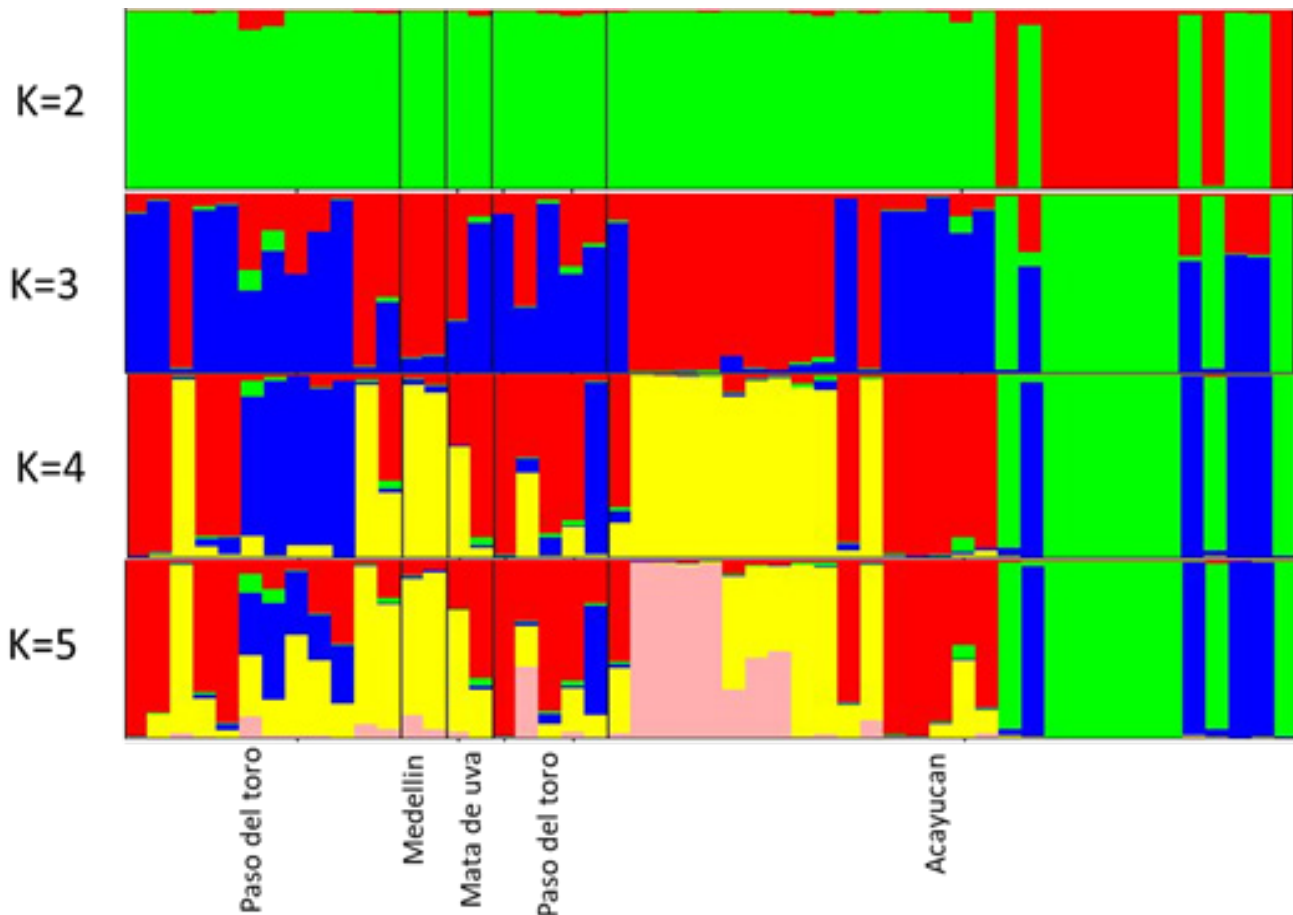


Figura 3. Representación gráfica de los resultados del análisis de la estructura genética 5 poblaciones de las zonas rurales de pavo autóctono de traspatio mexicano. (K=2 A K=5) (Graphical representation of the results of the analysis of genetic structure 5 populations of rural areas of Mexican backyard inland turkey (K-2 A K-5).

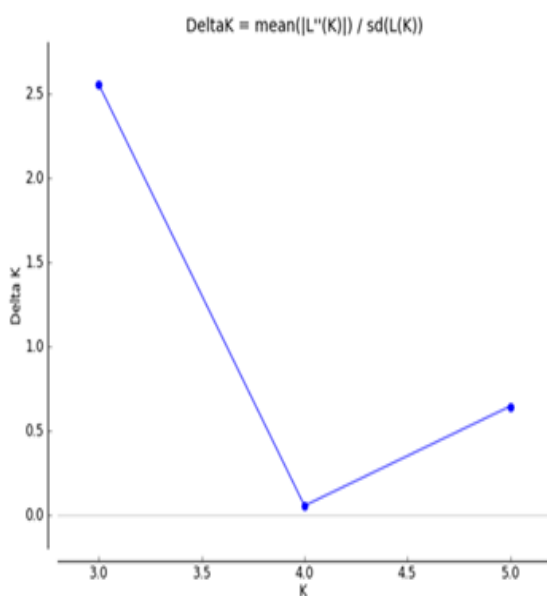


Figura 4. Valores de  $\Delta K$  calculados con el programa Structure Harvester siguiendo el método de Evanno et al., 2005, de 5 poblaciones de zonas rurales de pavo autóctono de traspatio mexicano ( $\Delta K$  values calculated with the Structure Harvester software following the Evanno et al. method, 2005, of 5 rural Mexican backyard indigenous turkey populations).

et al. 2007) .La  $H_E$  por locus que se obtuvo fue moderada (0.619), elevada en comparación a investigaciones previas realizadas en poblaciones de pavos 0.560 (López-Zavala et al. 2013) y en estudios de gallinas se han obtenido valores de 0.520 (Granevitze et al. 2007) e inferior a la reportada en gallinas nativas de Corea 0.630 (Kong et al. 2006). La población autóctona de pavos criollos de traspatio de México presento valores elevados, en investigaciones previas en poblaciones de pavo doméstico en México se reportaron valores de  $H_o$  y  $H_E$  de 0.535 y 0.606 respectivamente (López-Zavala et al. 2013). La población se encuentra en equilibrio de HW, solo se encontraron 2 marcadores en desequilibrio de HW de 38 microsatélites utilizados. Los marcadores MNT014 y WT075 se desvían del HW en toda la población. En correlación con el  $F_{IS}$  obtenido de los microsatélites fue significativamente diferente de cero, esta positiva asociación explica la deficiencia de heterocigotos en la población (Blackburn 2006; Granevitze et al. 2007; Woelders, Zuidberg & Hiemstra 2006). La media del  $F_{IS}$  poblacional (0.128) indica un moderado nivel de homocigotos en la población en promedio, valores bajos de  $F_{IS}$  se obtuvieron en México en caracterización de poblaciones domesticas con valores de 0.023 y en poblaciones salvajes 0.266 (López-Zavala et al. 2013), en gallinas 0.089 (Ceccobelli et al. 2015) 0.090 (Granevitze et al. 2007) y 0.109 (Tadano et al. 2007), indicando un leve excesos de homocigotos y un nivel de endogamia y consanguinidad moderado, por ahora son bajos estos niveles de  $F_{IS}$ , pero si no se controlan se podrían presentar diversos problemas tales como elevada

incidencia de enfermedades genéticas recesivas, reducción de fertilidad femenina y viabilidad espermática, fenómenos de asimetría física, alta mortandad prenatal y de recién nacidos, lento ritmo de crecimiento, menor talla de adulto, carencias del sistema inmunológico y alteraciones del comportamiento entre otras. El valor medio de  $F_{IT}$  (0.152) nos indica que el coeficiente de endogamia entre individuos en relación con la población total es moderado. Las diferencias moderadas y elevadas tienen valores de  $F_{ST}$  que van desde 0.05 a 0.15 y 0.15 a 0.25, respectivamente (Grasso et al. 2014). De acuerdo al valor obtenido de  $F_{ST}$  (0.027) y teniendo en cuenta la escala que se describe, el  $F_{ST}$  es bajo, indicativo de que no existen subestructuras dentro de las poblaciones estudiadas, previas investigaciones en poblaciones de México con animales domésticos y salvajes se obtuvieron resultados inferiores de  $F_{ST}$  0.167 (López-Zavala et al. 2013). Esto se puede corroborar con el análisis factorial de correspondencia (figura 1) y el árbol de distancias individuales (figura 2), en el cual se puede observar que las poblaciones no lograron separarse homogéneamente, a excepción de las muestras recolectadas en la zona de Acayucan, que en las dos figuras se puede apreciar cómo se agrupan entre sí.

## CONCLUSIÓN

Con los resultados encontrados se puede concluir que los pavos de las zonas estudiadas no presentaron una diversidad genética elevada, confirmándose la existencia de una sola población en las diversas zonas donde se realizó el muestreo. Los pavos autóctonos muestreados no son una población homogénea y no muestran subestructura genética, ya que ninguno se separa claramente de las demás cuando se asume que el número de poblaciones ancestrales es 4, que es el  $K$  óptimo. Estos resultados pueden ser tomados como referencia para futuros trabajos de caracterización del pavo doméstico.

## AGRADECIMIENTOS

A las personas que participaron en la recolección de las muestras ocupadas en la investigación, al personal del laboratorio de Animal Breeding Consulting SL. y al personal de trabajo del grupo AGR-218. A los Doctores, Patricia Cervantes y Antonio Hernández por el apoyo otorgado.

## BIBLIOGRAFÍA

Belkhir, K & Borsa, LC 'N. Raufaste, and F. Bonhomme. 1996–2004. GENETIX 405, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations Laboratoire Génome, Populations, Interactions. CNRS UMR 5000', Université de Montpellier II, Montpellier, France.

Blackburn, H 2006, 'The national animal germplasm program: challenges and opportunities for poultry genetic resources', *Poultry science*, vol. 85, no. 2, pp. 210-5.

Bowcock, AM, Ruiz-Linares, A, Tomfohrde, J, Minch, E, Kidd, JR & Cavalli-Sforza, LL 1994, 'High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites', *Nature*, vol. 368, no. 6470, p. 455.

Camacho-Escobar, MA, Arroyo-Ledezma, J, García-Bautista, Y & Pérez-Lara, E 2014, 'Medicina Alternativa aplicada al guajolote nativo (Meleagris gallopavo) en la costa de Oaxaca', *Memorias del 5to. Foro Interinstitucional Avances de la Investigación en Homeopatía Humana, Veterinaria y Agrohomeopatía*.

Ceccobelli, S, Di Lorenzo, P, Lancioni, H, Ibáñez, LM, Tejedor, M, Castellini, C, Landi, V, Martínez, AM, Bermejo, JD & Pla, JV 2015, 'Genetic diversity and phylogeographic structure of sixteen Mediterranean chicken breeds assessed with microsatellites and mitochondrial DNA', *Livestock Science*, vol. 175, pp. 27-36.

Cracraft, J 1968, 'First record of the turkey Meleagris gallopavo from the Pleistocene of México', *The Condor*, vol. 70, no. 3, p. 274.

Díaz, G 1976, 'Producción de guajolotes en México', *Memoria de la*, vol. 2, pp. 115-9.

Evanno, G, Regnaut, S & Goudet, J 2005, 'Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study', *Molecular ecology*, vol. 14, no. 8, pp. 2611-20.

Granevitze, Z, Hillel, J, Chen, G, Cuc, NTK, Feldman, M, Eding, H & Weigend, S 2007, 'Genetic diversity within chicken populations from different continents and management histories', *Animal Genetics*, vol. 38, no. 6, pp. 576-83.

Grasso, N, Aguilar, I, Clariget, J, Lema, M, Brito, G & Navajas, E 2014, 'Genomics of carcass and meat quality traits in Hereford—preliminary results', in *Proceedings of 60th International Congress of Meat Science and Technology*.

Hernández-Sánchez, V 2006, 'Evaluación de los factores socioculturales, económicos y productivos de la crianza del guajolote doméstico en la región costa de Oaxaca', *Informe final de servicio social legal de licenciatura. México, DF Universidad Autónoma Metropolitana-Xochimilco*.

Jerez Salas, MP, Herrera Haro, J & Vásquez Dávila, MA 1994, *La gallina criolla en los valles centrales de Oaxaca*.

Jombart, T 2008, 'adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers', *Bioinformatics*, vol. 24, no. 11, pp. 1403-5.

Kalinowski, ST, Taper, ML & Marshall, TC 2007, 'Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment', *Molecular ecology*, vol. 16, no. 5, pp. 1099-106.

Kong, H, Oh, J, Lee, J, Jo, K, Sang, B, Choi, C, Kim, S, Lee, S, Yeon, S & Jeon, G 2006, 'Genetic variation and relationships of Korean native chickens and foreign breeds using 15 microsatellite markers', *Asian-australasian journal of animal sciences*, vol. 19, no. 11, pp. 1546-50.

Langella, O 1999, 'Populations, 1.2. 30', <http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/>.

López-Zavala, R, Cano-Camacho, H, Chassin-Noria, O, Oyama, K, Vázquez-Marrufo, G & Zavala-Páramo, MG 2013, 'Diversidad genética y estructura de poblaciones de pavos domésticos mexicanos', *Revista mexicana de ciencias pecuarias*, vol. 4, no. 4, pp. 417-34.

Miller, L 1940, 'A new Pleistocene turkey from Mexico', *The Condor*, vol. 42, no. 3, pp. 154-6.

Page, RD 1996, 'Tree View: An application to display phylogenetic trees on personal computers', *Bioinformatics*, vol. 12, no. 4, pp. 357-8.

Park, S 2001, 'The Excel microsatellite toolkit', *Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection*.

Pritchard, JK, Stephens, M & Donnelly, P 2000, 'Inference of population structure using multilocus genotype data', *Genetics*, vol. 155, no. 2, pp. 945-59.

Smith, EJ, Geng, T, Long, E, Pierson, FW, Sponenberg, DP, Larson, C & Gogal, R 2005, 'Molecular analysis of the relatedness of five domesticated turkey strains', *Biochemical Genetics*, vol. 43, no. 1-2, pp. 35-47.

Steadman, DW 1980, 'A review of the osteology and paleontology of turkeys (Aves: Meleagridinae)', *Contributions in Science, Natural History Museum of Los Angeles County*, vol. 330, pp. 131-207.

Tadano, R, Nishibori, M, Nagasaka, N & Tsudzuki, M 2007, 'Assessing genetic diversity and population structure for commercial chicken lines based on forty microsatellite analyses', *Poultry science*, vol. 86, no. 11, pp. 2301-8.

Terwilliger, JD & Ott, J 1992, 'A haplotype-based haplotype relative risk' approach to detecting allelic associations', *Human heredity*, vol. 42, no. 6, pp. 337-46.

Woelders, H, Zuidberg, C & Hiemstra, S 2006, 'Animal genetic resources conservation in the Netherlands and Europe: poultry perspective', *Poultry science*, vol. 85, no. 2, pp. 216-22.

Yeh, FC, Yang, R, Boyle, TB, Ye, Z & Mao, JX 1997, 'POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis', *Molecular biology and biotechnology centre, University of Alberta, Canada*, vol. 10, pp. 295-301.