

Diversidad y similitud genética entre poblaciones de guajolotes mexicanos utilizando un método de amplificación aleatorio de ADN polimórfico (RAPD)

Genetic diversity and similarity between domestic Mexican turkey *Meleagris gallopavo* populations based on random amplification polymorphic DNA (RAPD)

Omar Chassin-Noria^a, Rigoberto López-Zavala^a, Horacio Cano-Camacho^a, Edgar Suárez-Corona^a, Aureliano Juárez-Caratachea^a, Ma. Guadalupe Zavala-Páramo^a

RESUMEN

Con el objetivo de abordar la caracterización de poblaciones de guajolotes de traspatio en México, en el presente trabajo se realizó un análisis molecular en seis poblaciones de guajolotes de traspatio, colectadas en los estados de Puebla y Michoacán, y una población de guajolotes de la línea comercial "Big-6 Large White". A partir de 65 muestras de sangre colectadas, se aisló el ADN y se realizaron ensayos tipo RAPD con un oligonucleótido con el que se obtuvieron 18 bandas polimórficas, con un tamaño molecular de entre 220 a 1,700 pb. Las poblaciones de Michoacán presentaron altos valores de diversidad genética comparados con los de las poblaciones colectadas en el estado de Puebla. Se establecieron las relaciones de similitud, al observar que las poblaciones de Puebla se agrupan en una rama con valor de "bootstrap" de 88 %. La población perteneciente a la colección de guajolotes de la Posta Veterinaria de la UMSNH mostró una alta diferenciación genética con respecto al resto de las poblaciones (100 % valor bootstrap). La población comercial "Big-6 Large White" se agrupa estrechamente con la población colectada en el municipio de Turicato, Michoacán. Se demuestra que es posible diferenciar e inferir eventos históricos de las poblaciones analizadas en virtud de sus características genéticas.

PALABRAS CLAVE: *Meleagris gallopavo*, Guajolotes mexicanos domésticos, Guajolotes de línea comercial, Diversidad genética, RAPD.

ABSTRACT

Genetic diversity analysis was done to characterize six populations of domestic Mexican turkey *Meleagris gallopavo gallopavo* in household production systems and one commercial line (Big-6 Large White) population. Samples were collected from populations in the states of Puebla and Michoacán, Mexico. Blood samples were taken from 65 individuals and the DNA was extracted from them. Diversity was established through random amplified polymorphic DNA (RAPD) assays, which produced 18 polymorphic bands ranging from 220 to 1,700 basepairs. Genetic diversity was higher in the Michoacán populations than in the Puebla populations. The similarity analysis showed that the Puebla populations formed a single cluster (88 % bootstrap value). One Michoacán population from the UMSNH Veterinary Station was genetically furthest from the other studied populations (100 % bootstrap) while the commercial line was grouped with the Michoacán population from Turicato Municipality. Analysis of the genetic markers for the studied populations allowed differentiation and inference of historical processes in them.

KEY WORDS: *Meleagris gallopavo*, Domestic Mexican turkeys, Commercial line turkeys, Genetic diversity, RAPD.

Actualmente, debido a la importancia económica del género *Meleagris*, se han realizado investigaciones para la descripción y caracterización

The commercial importance of the *Meleagris* genus has made it the focus of a number of recent studies aimed at description and partial characterization of

Recibido el 27 de octubre de 2004 y aceptado para su publicación el 21 de mayo de 2005.

^aCentro Multidisciplinario de Estudios en Biotecnología, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo Km 9.5 Carr. Morelia-Zinapécuaro, La Palma, Tarímbaro, Mich. gzavalap@zeus.umich.mx. Correspondencia al último autor.

parcial de bancos genómicos de pavo comercial, enriquecidos con secuencias repetidas microsátélites (SSR), para desarrollar un mapa genético⁽¹⁾. Se han identificado marcadores moleculares, que permiten determinar la huella genética dentro y entre poblaciones de guajolotes de líneas comerciales y silvestres, por medio de RFLP (polimorfismo de la longitud de fragmentos de restricción)⁽²⁾. Se ha medido el grado de polimorfismo dentro y entre poblaciones, eventos de hibridación entre linajes mediante SSR y RAPD⁽³⁾. Se ha revisado la posición taxonómica en linajes infraespecíficos, empleando amplificación del polimorfismo de la longitud de fragmentos de restricción (RFLP, AFLP), SSR y ADN mitocondrial (ADNm)^(4,5). Se han inferido eventos históricos de conectividad entre poblaciones (flujo genético) y el patrón de distribución de la variación genética, con respecto a la distribución geográfica con SSR, AFLP y ADNm^(5,6). Estos trabajos previos se han realizado principalmente en poblaciones silvestres o domésticas (líneas comerciales) de Estados Unidos.

Mock *et al.*⁽⁵⁾ realizaron el análisis de subespecies del Norte de México (*Meleagris gallopavo mexicana*, *M. gallopavo gallopavo* y *M. gallopavo intermedia*), que comprende los estados de Sonora, Chihuahua y Tamaulipas, demostrando la pertinencia de esta clasificación. De acuerdo a sus resultados, estas subespecies son genéticamente distantes, y las más diversas comparadas con poblaciones de las subespecies del Este de Estados Unidos (*Meleagris gallopavo silvestris*), Florida (*M. g. osceola*) y Río grande (*M. g. intermedia*). Por otro lado, recientemente en nuestro laboratorio se realizó un estudio de dos poblaciones de guajolotes nativos mexicanos y de la línea comercial de pavos Big-6 Large White con RAPDs, utilizando un oligonucleótido. Se identificaron marcadores monomórficos entre las tres poblaciones que permiten la identificación de la especie, así como la identificación de niveles de polimorfismo que muestran diferencias entre las poblaciones analizadas⁽⁷⁾.

Con el objetivo de abordar la caracterización molecular de poblaciones de guajolotes domésticos (*Meleagris g. gallopavo*), en este trabajo se generaron marcadores tipo RAPD, para un análisis

commercial turkey genome banks, enriched with microsatellites or simple sequence repeats (SSR), to develop a genetic map⁽¹⁾. Molecular markers have been identified that allow identification of the genetic fingerprint within and between commercial and wild turkey populations using restriction fragment length polymorphism (RFLP)⁽²⁾. Degree of polymorphism has been measured within and between populations and inter-lineage hybridation events with SSR and RAPD⁽³⁾. Also, the taxonomic position of infraspecific lineages has been reviewed using RFLP, AFLP, SSR and mitochondrial DNA (mtDNA)^(4,5). Other research has used SSR, AFLP and mtDNA to infer historic events in interpopulational connectivity (i.e. gene flow) and the genetic variation distribution pattern versus geographic distribution^(5,6). These studies have been done mainly in wild and commercial domesticated populations in the United States.

In Mexico, Mock *et al.*⁽⁵⁾ analyzed northern Mexican *Meleagris gallopavo* subspecies (*M. g. mexicana*; *M. g. gallopavo*, *M. g. intermedia*) from the states of Sonora, Chihuahua and Tamaulipas, demonstrating the validity of these subspecies classifications. They showed these subspecies to be genetically distant and more diverse compared to subspecies populations in the eastern USA (*M. g. silvestris*), the state of Florida, USA (*M. g. osceola*) and the Rio Grande region (*M. g. intermedia*). Recent research by Trigueros *et al.*⁽⁷⁾ used an oligonucleotide with RAPD's to study two native Mexican turkey populations and the Big-6 Large White commercial line. They identified monomorphic markers between the three populations that allow for species differentiation, as well as identification of polymorphism levels that manifest the differences between the analyzed populations.

As part of an ongoing effort to molecularly characterize domestic turkey (*Meleagris g. gallopavo*) populations in household production systems, RAPD-type markers were generated for a preliminary analysis of genetic diversity in household domestic turkey populations in the states of Michoacan and Puebla, Mexico, as well as a commercial domestic population.

Blood samples were collected from seven domestic Mexican turkey populations: household domestic

preeliminar de diversidad genética de poblaciones de los Estados de Puebla y Michoacán así como de una población de origen comercial.

Se colectaron muestras de sangre de guajolotes domésticos mexicanos, de cuatro poblaciones de traspatio localizadas en cuatro municipios del Estado de Puebla, dos poblaciones de guajolotes de Michoacán y una población de guajolotes de origen comercial Big-6 Large White de la ciudad de Morelia, Mich. (Cuadro 1). Todas las muestras fueron obtenidas de individuos no emparentados.

La purificación de ADN se llevó a cabo por el método de fenol:cloroformo⁽⁸⁾, modificado por Trigueros *et al.*⁽⁷⁾. Las muestras de ADN purificadas se separaron por electroforesis en geles de agarosa al 1%, en TAE 1X (OWL Electrophoresis System) para revisar la integridad⁽⁸⁾. Los geles fueron teñidos con bromuro de etidio (0.3 mg/ml), vistos en un transiluminador de luz ultravioleta a 302 nm y fotografiados (Eagle Eye II).

Los ensayos de RAPD se realizaron por medio de un sistema comercial con el oligonucleótido (5'-d[AACGCGCAAC]-3') (RAPD Analysis Beads, Amersham), de acuerdo a lo reportado por Trigueros *et al.*⁽⁷⁾. Los productos de amplificación se separaron en geles de agarosa al 2%, en TBE 1X (OWL Electrophoresis System)⁽⁸⁾. Se utilizó el marcador de tamaño molecular 1 kb DNA Ladder y 1 kb Plus DNA Ladder como estandar de tamaño molecular (GIBCO). Los geles fueron teñidos con bromuro

populations from four municipalities in the state of Puebla; household domestic populations from two municipalities in the State of Michoacan; and a commercial domestic population (Big-6 Large White line) from the city of Morelia, Michoacan (Table 1). All samples were taken from non-related individuals.

Purification of DNA was done with the phenol: chloroform method⁽⁸⁾, as modified by Trigueros *et al.*⁽⁷⁾. Samples of purified DNA were separated using electrophoresis in 1% agarose gel in TAE 1X buffer (OWL Electrophoresis System) to review integrity⁽⁸⁾. Gels were stained with ethidium bromide (0.3 mg/ml), viewed in a UV light transilluminator at 302 nm and photographed (Eagle Eye II).

The RAPD assays were done using a commercial system with the oligonucleotide (5'-d[AACGCGCAAC]-3') (RAPD Analysis Beads, Amersham), as reported by Trigueros *et al.*⁽⁷⁾. Amplification products were separated in 2% agarose gels in TBE 1X buffer (OWL Electrophoresis System)⁽⁸⁾. The 1 Kb DNA Ladder and 1 Kb Plus DNA Ladder were used as a molecular size standard (GIBCO). Gels were stained with ethidium bromide (0.3 mg/ml), viewed in a UV light transilluminator at 302 nm and photographed (Eagle Eye II).

To calculate the molecular weights of the amplified fragments from the different turkey populations, the RAPD gel photographs were analyzed with the

Table 1. Población de *Meleagris gallopavo* usada en el estudio

Table 1. *Meleagris gallopavo gallopavo* populations used in study

| Population | State | Location | n |
|------------|-----------|--|----|
| I | Michoacán | Vet. Stat., Tarímbaro Munic. | 16 |
| H | Michoacán | Puruarán, Turicato Munic. | 8 |
| 6* | Michoacán | Morelia Munic. | 10 |
| A | Puebla | Benito Juárez Ejido, Rafael Lara Grajales Munic. | 9 |
| B | Puebla | San Baltazar Azumiatla, Totimehuacán Munic. | 6 |
| C | Puebla | San Mateo, Soltepec Munic. | 8 |
| D | Puebla | Sto. Tomas Hueyotlipán, Hueyotlipán Munic. | 8 |

6*, Big-6 Large White commercial line.

de etidio (0.3 mg/ml), vistos con luz ultravioleta a 302 nm y fotografiados (Eagle Eye II).

Las fotografías de los geles de RAPD's se analizaron en el software RFLPscan 2.1 (Scanalytics), para calcular los pesos moleculares de los fragmentos amplificados de las poblaciones de guajolotes⁽⁹⁾. Con los datos generados se construyó una matriz binaria (0,1) en la que se codifica como carácter 1 la presencia de un fragmento amplificado y 0 su ausencia.

Los datos obtenidos por la técnica de RAPD son dominantes, por lo tanto no es recomendable usar los estimadores clásicos de diversidad genética (heterocigosis *sensu* Nei)⁽¹⁰⁾. Una alternativa es usar una medida de diversidad basado en el índice de información de Shannon, en el que se determinan el nivel de polimorfismo con base en la frecuencia de fragmentos amplificados. En este estudio se obtuvieron los valores de diversidad genética por población y el valor de diversidad genética total usando el programa Popgene⁽¹¹⁾.

Con los datos se generó una matriz de distancia entre poblaciones con el programa Rapdist⁽¹²⁾ y 100 réplicas generadas implementando un algoritmo para bootstrap⁽¹³⁾, posteriormente se construyó el consenso de mayoría usando Phylip⁽¹⁴⁾. La edición del fenograma se realizó con el programa Treeview⁽¹⁵⁾.

En 65 individuos analizados, se obtuvieron 18 bandas de diferente peso molecular dentro de un rango de 220 a 1,700 pb. En la Figura 1 se muestran de manera representativa sólo los patrones de bandeos obtenidos para las poblaciones I, H, C y 6, y en el Cuadro 2 se muestran las frecuencias de los alelos de todas las poblaciones. Siguiendo la regla de 99 % no se detectaron bandas monomórficas, pero con la regla de 95 %⁽¹⁶⁾, el 39 % de las bandas fueron monomórficas y el 61 % fueron polimórficas (cuando la frecuencia del alelo más común es menor a 95 % se dice que el locus es polimórfico bajo la regla del 95 % y cuando la frecuencia del alelo más común en un locus es menor a 99 % se dice que este locus es polimórfico bajo la regla del 99 %).

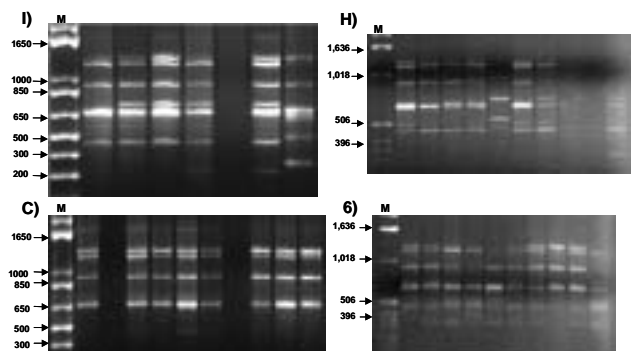
RFLPscan 2.1 (Scanalytics) software program⁽⁹⁾. The data generated were used to produce a binary matrix (i.e. 0, 1) coding 1 as presence of an amplified fragment and 0 as absence.

Data generated by the RAPD technique are dominant, meaning use of classic genetic diversity estimators (heterozygosity, *sensu* Nei)⁽¹⁰⁾ are not recommended. An alternative is to use a diversity measure based on the Shannon data index, in which the level of polymorphism is determined based on amplified fragment frequency. Genetic diversity values for each population and for the overall study sample were produced with the Popgene program⁽¹¹⁾.

These data were then used to create an inter-population distance matrix using Rapdist⁽¹²⁾ and 100 replicates with a bootstrap algorithm⁽¹³⁾. Phylip⁽¹⁴⁾ was then used to build a majority consensus and the resulting phenogram was edited with Treeview⁽¹⁵⁾.

Figure 1. Patrones electroforéticos. Electroforesis en gel de agarosa al 2 % (0.3 mg/ml), teñido con bromuro de etilio en amortiguador TBE 1X

Figure 1. Electrophoretic patterns. Electrophoresis in 2% agarose gel, stained with ethidium bromide (0.3 mg/ml), in TBE 1X buffer



Panel I) and panel C), **lane M**, 1 Kb Plus DNA Ladder molecular size marker, panel H) and panel 6), **lane M**, 1 Kb DNA Ladder. Panel I): banding pattern for 6 individuals from Tarímbaro Municipality, Michoacán. Panel H): banding pattern for 8 individuals from Turicato Municipality, Michoacán. Panel C): banding pattern for 8 individuals from Soltepec Municipality, Puebla. Panel 6): banding pattern for 9 individuals from Big-6 Large White commercial line.

En el Cuadro 3 se muestran los valores de diversidad genética calculada con el índice de información de Shannon (I_n), para las siete poblaciones incluidas en este trabajo. Se observa que las poblaciones de Michoacán H e I, a pesar de la diferencia de tamaño, presentan valores de diversidad genética similares y los más altos entre las poblaciones analizadas. Mientras que las poblaciones de Puebla A, B, C y D, presentaron valores de diversidad bajos y también similares entre si. Una comparación de la población H de Michoacán con la población A de Puebla muestra que aunque ambas tienen un tamaño de muestra similar, el valor de diversidad genética de la H es el doble con respecto a la población A. La línea comercial (población 6), presenta un valor de diversidad que es mayor que el valor de las poblaciones de Puebla A, B, C, D, y aproximadamente de la mitad con respecto a las poblaciones de Michoacán H e I. No se detectó una relación lineal entre el tamaño de muestra y los valores de diversidad genética ($r = 0.646$ $p = 0.117$).

Table 2. Frecuencia de alelos de las poblaciones de *M. gallopavo*

Table 2. Allele frequencies of studied *M. gallopavo* populations

| Locus | Population | | | | | | |
|-------|------------|------|------|------|------|------|------|
| | H | 6 | A | B | C | D | I |
| 220 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.13 |
| 250 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.06 |
| 318 | 0.13 | 0.70 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.44 |
| 462 | 0.88 | 1.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 |
| 490 | 0.13 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.25 | 0.00 | 0.31 |
| 500 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.06 |
| 517 | 0.75 | 0.50 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.25 |
| 560 | 0.13 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 |
| 600 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.06 |
| 650 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.13 | 0.00 | 0.06 |
| 686 | 0.88 | 1.00 | 0.40 | 1.00 | 1.00 | 1.00 | 0.75 |
| 702 | 0.50 | 0.90 | 0.60 | 0.67 | 1.00 | 0.88 | 1.00 |
| 803 | 0.38 | 0.40 | 0.40 | 0.83 | 0.75 | 0.63 | 0.50 |
| 920 | 0.63 | 0.90 | 0.90 | 1.00 | 1.00 | 1.00 | 1.00 |
| 995 | 0.13 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 | 0.00 |
| 1198 | 0.75 | 1.00 | 0.90 | 0.67 | 1.00 | 0.88 | 0.69 |
| 1282 | 0.25 | 0.90 | 0.90 | 1.00 | 1.00 | 1.00 | 0.56 |
| 1700 | 0.00 | 0.00 | 0.50 | 0.00 | 0.75 | 0.25 | 0.06 |

A total of 18 different molecular weight bands between 220 and 1,700 bp were observed from the 65 studied individuals. No monomorphic bands were detected using the 99 % rule, but with the 95 % rule⁽¹⁶⁾, 39 % were monomorphic bands and 61 % were polymorphic (Figure 1, Table 2). In this context, when the frequency of the most common allele is less than 95 % it is said that the locus is polymorphic under the 95 % rule, and, likewise, when it is less than 99 % it is polymorphic under the 99 % rule.

The genetic diversity values calculated with the Shannon data Index (I_n) for the seven studied populations (Table 3) show that the Michoacan populations (H and I), though of different sizes, had similar genetic diversity values and the highest values among the studied populations. The Puebla populations (A, B, C and D) were also similar among each other, but had low diversity values. In comparing population H (Michoacan) with population A (Puebla), both had a similar sample size, but H's genetic diversity value was twice that of A's. Population 6 (commercial line) had a diversity value greater than the four Puebla populations, but about half that of the Michoacan populations. No linear relationship was detected between sample size and genetic diversity values ($r = 0.646$, $P = 0.117$).

In the 100 replicate bootstrap greatest consensus phenogram⁽¹³⁾ built with the UPGMA (Figure 2),

Table 3. Poblaciones de guajolotes, tamaño de muestra (n) y valor de diversidad genética (I_n) Índice de información de Shannon

Table 3. Turkey populations, samples size (n) and Shannon data Index genetic diversity value (I_n)

| Population | n | I_n |
|------------|----|--------|
| I | 16 | 0.3320 |
| H | 8 | 0.3313 |
| 6 | 10 | 0.1640 |
| A | 9 | 0.1499 |
| B | 6 | 0.0958 |
| C | 8 | 0.1147 |
| D | 8 | 0.1099 |

En la Figura 2 se muestra un fenograma consenso de mayoría de 100 réplicas de bootstrap⁽¹³⁾ construido por el método de Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean (UPGMA). Se observa la mayor similitud entre las poblaciones de Puebla, formando un grupo sustentado en el 81 % de las réplicas. Con respecto a la línea comercial 6, se evidencia su similitud con la población H de Michoacán y una separación consistente (100 % de las réplicas) de la población I de Michoacán.

El hecho de que las poblaciones de traspatio de Michoacán H e I, presentaran los valores de diversidad genética más altos, puede deberse a varias posibilidades; a) que estas poblaciones deriven de una población ancestral; b) que estas poblaciones deriven de una población históricamente grande; y c) que estas poblaciones mantengan flujo genético reciente o histórico con otras poblaciones. Los valores altos de diversidad genética pueden explicarse también por la presencia de una tasa de mutación elevada, asociada generalmente a organismos con tiempo generacional corto, baja masa corporal y alta tasa metabólica⁽¹⁷⁾, pero al observarse valores de diversidad genética en otras poblaciones analizadas, es poco verosímil suponer que haya diferencias entre la tasa de mutación de organismos de la misma especie.

Los bajos valores de diversidad de la línea comercial, población 6, con respecto a las poblaciones colectadas en Michoacán, pueden explicarse porque los linajes comerciales generalmente son derivados a partir de pocos individuos que presentan la, o las características seleccionadas, proceso que tiene un efecto conocido como efecto fundador, el cual genera de manera inmediata la reducción cualitativa y cuantitativa de la diversidad genética en la población seleccionada⁽¹⁸⁾. Este es un proceso similar al que sufren las poblaciones al ser sometidas a cuellos de botella poblacionales.

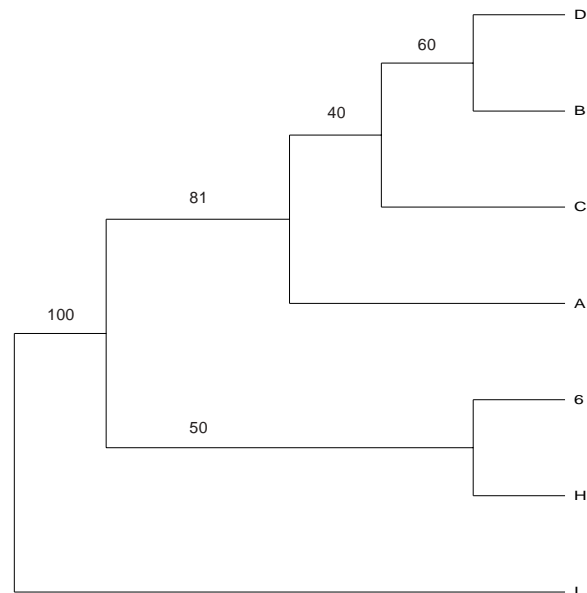
Una vez seleccionada la población fundadora de las líneas comerciales, se favorecen los apareamientos endogámicos, con el afán de mantener en la progenie la característica seleccionada. Esta práctica aumenta los valores de endogamia en las líneas comerciales, generando una reducción

the highest observed similarity was between the Puebla populations (A, B, C and D), with a group supported by 81 % of the replicates. Population 6 (commercial line) exhibited similarity to population H, but was consistently separate (100 % of replicates) from population I.

The fact that the Michoacan household domestic populations (H and I) had the highest genetic diversity values may result from a number of possibilities: a) that they derive from an ancestral population; b) that they derive from a historically large population; or c) that they maintain recent or historical gene flow with other populations. Their high diversity values may also be explained by a high mutation rate, though this generally only occurs in organisms with a short generational period, low body mass and high metabolic rate⁽¹⁷⁾. Based on

Figure 2. Fenograma UPGMA sin raíz, obtenido como consenso de mayoría generado a partir de 100 réplicas bootstrap obtenidas de la matriz de datos original

Figure 2. Unrooted UPGMA phenogram as majority consensus generated from 100 bootstrap replicates from the original data matrix



Numbers on branches represent bootstrap values; A, B, C and D are Puebla populations; 6 is the Big-6 Large White commercial line; H and I are Michoacán populations.

sustancial en el tamaño efectivo de población, lo que favorece la aparición de procesos estocásticos asociados al cambio en las frecuencias alélicas por azar, y a la reducción de la diversidad genética (deriva génica)⁽¹⁶⁾.

Con respecto a los niveles de baja diversidad, detectados en las poblaciones del estado de Puebla, se pueden inferir dos escenarios que no son mutuamente excluyentes como explicación: a) es posible que los organismos colectados en este estado sean derivados de un linaje comercial (de una población distinta a la “Big-6 Large White” utilizada en este trabajo) con niveles de diversidad bajos, y que se mantenga por las acciones de manejo, con apareamientos endogámicos y evitando el flujo génico con otras poblaciones; b) otra posibilidad es que los organismos de este Estado sean derivados de una población históricamente pequeña, lo cual explica los menores valores de diversidad observados.

La comparación de los valores de diversidad entre las poblaciones de traspatio del estado de Michoacán y Puebla son relevantes para las actividades productivas. Los altos niveles de diversidad genética, se encuentran asociados a poblaciones con plasticidad evolutiva⁽¹⁹⁾, la cual desde el punto de vista productivo se encuentra relacionada con características tales como la resistencia a enfermedades, un aspecto fundamental en sistemas de traspatio donde los organismos están expuestos a múltiples patógenos. La plasticidad evolutiva permite también el movimiento de organismos entre localidades ambientalmente distintas, sin una disminución drástica de la adecuación promedio. Existe también una correlación entre valores de diversidad genética altos, sobrevivencia y potencial reproductivo promedio de la población, es decir la adecuación promedio^(18,20).

Por todo lo anterior, se plantea que la población de *M. g. gallopavo* del Estado de Michoacán, es desde el punto de vista genético más saludable con respecto a la población de Puebla. Sin embargo, es importante realizar estudios para evaluar empíricamente la relación entre los valores de diversidad genética detectados y valores de adecuación promedio entre las poblaciones.

comparison with the genetic diversity values of the other studied populations, it is not very plausible to assume differences in mutation rates between organisms of the same species.

The low diversity values of population 6 (commercial line) versus the two Michoacan populations (H and I) may have occurred because commercial lines are generally derived from a small lot of individuals with selected characteristics. This has an effect known as the founder effect, which produces an immediate qualitative and quantitative reduction in the selected population's genetic diversity⁽¹⁸⁾. This is similar to the process experienced by populations when they pass through populational bottlenecks.

Once the founding population of a commercial line is chosen, endogamic mating is favored to maintain the selected characteristics in the offspring. Clearly, this increases endogamy values in commercial lines, generating a substantial fall in the population's effective size and favoring the appearance of stochastic processes linked to the change in random allelic frequencies and the reduced genetic diversity (genetic drift)⁽¹⁶⁾.

There are two possible scenarios, not necessarily mutually exclusive, that may explain the low diversity levels in the Puebla populations (A, B, C, and D). The organisms collected in Puebla may derive from a commercial line (other than the Big-6 Large White) with low diversity values, which are kept low through management actions like endogamic mating and avoiding gene flow with other populations. The other possibility is that they derive from a historically small population, explaining the low observed diversity values.

Comparing the diversity values for the Puebla and Michoacan household domestic populations is relevant to this productive activity. High genetic diversity levels occur in populations with high evolutionary plasticity⁽¹⁹⁾, which, in productive terms, is linked to characteristics like disease resistance, a fundamental aspect in household productive systems where organisms are exposed to multiple pathogens. Evolutionary plasticity also allows for movement of organisms between environmentally distinct locations without a drastic

Con la línea comercial se encuentran valores de diversidad genética bajos, pero reúne algunas características de interés productivo como carne blanda y blanca, piel rosada, pluma blanca, etc.; sin embargo, se sabe que las líneas comerciales tienden a tener defectos morfológicos y problemas de reproducción, así como susceptibilidad a enfermedades o predisposición a desarrollar desequilibrios homeostáticos⁽²¹⁾, lo que hace a estas líneas comerciales, poco viables para ser aprovechadas en sistemas de traspatio. Un objetivo de nuestro grupo de investigación es seleccionar organismos que presenten características deseables de carácter productivo, sin perder la plasticidad evolutiva de las poblaciones de traspatio. Esto será, buscar a estos últimos en poblaciones de traspatio y asociar características de valor productivo a marcadores moleculares específicos.

En la Figura 2 puede observarse que es posible diferenciar con RAPD las poblaciones de Puebla que se agrupan en una rama con altos valores de “bootstrap”, lo que implica una estrecha relación entre estas poblaciones, que como se había expresado anteriormente, pueden ser derivadas de una línea comercial. Esta agrupación es congruente también con la distribución espacial de las poblaciones, lo cual sugiere una identidad genética distinta con respecto a las muestras colectadas en Michoacán, así como bajos niveles de flujo génico histórico entre estos Estados.

En un grupo distinto, se encuentran las poblaciones colectadas en el estado de Michoacán incluyendo las líneas comerciales. Se puede observar que la población 6, línea “Big-6 Large White”, se encuentra agrupada con la población H originaria de Puruarán, municipio de Turicato, Michoacán. Si analizamos esta evidencia junto con los valores de diversidad genética, se puede sugerir la existencia de conectividad direccional de la línea comercial hacia la población del municipio de Turicato, y no en sentido inverso.

La población I de La Posta Veterinaria, municipio de Tarímbaro, Michoacán, se encuentra totalmente diferenciada del resto de las poblaciones analizadas, lo cual es evidente al observar el valor de bootstrap de 100 %, lo que implica que esta población se

drop in average fitness. There is also a correlation between high genetic diversity values, survival and average reproductive potential, that is, average adaptation^(18,20).

From a genetic viewpoint, then, the Michoacan *M. g. gallopavo* populations are healthier than the Puebla populations. However, research is still needed to empirically evaluate the relationship between the observed genetic diversity values and average inter-population adaptation values.

Though they may have some desirable productive characteristics, like soft, white meat, pink skin, white feathers, etc., the genetic diversity values of commercial line turkeys make them inadequate for household production systems. They tend to have morphological defects, reproductive problems, susceptibility to disease and a predisposition to development of homeostatic imbalances⁽²¹⁾. This is an important point because this study forms part of an on-going effort to select organisms with desirable productive characteristics without losing the evolutionary plasticity of household domestic populations. To do this, these productive characteristics need to be identified in household domestic populations and then linked to specific molecular markers.

In the phenogram (Figure 2), the RAPD clearly grouped the Puebla populations in a branch with high bootstrap values, meaning they are closely related, perhaps even deriving from a commercial line. This coincides with the studied populations' spatial grouping, which suggests a distinct genetic identity for the samples collected in the two states and historically low gene flows between them.

The Michoacan populations, including the commercial line, are in a different group, and population 6 (Big-6 Large White) is closely grouped with population H from Puruarán, Turicato Municipality. In conjunction with the genetic diversity values, this suggests a directional connectivity of population 6 towards population H, though not vice versa.

Population I from the Veterinary Station in Tarímbaro Municipality, Michoacan, was totally

encuentra aislada histórica y actualmente del resto de las poblaciones analizadas, presentando además altos valores de diversidad genética, por lo que representa un excelente candidato para la búsqueda de características con valor productivo que no se encuentren presentes en el resto de las poblaciones.

Se concluye que es posible definir la relación entre las poblaciones de guajolotes analizadas y que esta información aunada a los valores de diversidad genética de las mismas permite establecer elementos históricos responsables de las características genéticas particulares.

Para dar mayor certidumbre a las hipótesis aquí planteadas es importante explorar los valores de diversidad genética y las relaciones entre poblaciones, basados en una mayor cantidad de *loci* y de individuos por poblaciones, tal y como sugiere la FAO^(22,23).

AGRADECIMIENTOS

Se agradece el apoyo financiero de la Coordinación de la Investigación Científica de la U.M.S.N.H., para el proyecto clave 14.6.

LITERATURA CITADA

1. Huang HB, Song YQ, Hsei M, Zahorchak R, Chiu J, Teuscher C, Smith EJ. Development and characterization of genetic mapping resources for the turkey (*Meleagris gallopavo*). *J Hered* 1999;(90):240-242.
2. Zhu JK, Nestor E, Patterson RA, Jackwood DJ, Emmerson DA. Measurement of genetic parameters within and between turkey lines using DNA fingerprinting. *Poult Sci* 1996;75(4):439-446.
3. Smith EJ, Jones CP, Bartlett J, Nestor JK. Use of randomly amplified polymorphic DNA markers for the genetic analysis of relatedness and diversity in chickens and turkeys. *Poult Sci* 1996;75(5):579-584.
4. Szalanski AL, Church KE, Oates DW, Bischof R, Powers TO. Mitochondrial-DNA variation within and among wild turkey (*Meleagris gallopavo*) subspecies. *Trans Nebr Acad Sci* 2000;(26):47-53.
5. Mock KE, Theimer TC, Rhodes Jr OE, Greenberg DL, Keim P. Genetic variation across the historical range of the wild turkey (*Meleagris gallopavo*). *Mol Ecol* 2002;(11):643-657.
6. Latch EK, Smith EJ, Rhodes OE. Isolation and characterization of microsatellite loci in wild and domestic turkeys (*Meleagris gallopavo*) 2002;(2):176-178.

separate from the other analyzed populations, as shown in its 100% bootstrap value. This means that this population has been historically isolated and currently remains isolated from the other studied populations. It also has high genetic diversity values, making it an excellent candidate in the search for valuable productive characteristics not found in the other populations.

In conclusion, the relationship between the analyzed turkey populations can be defined. Together with genetic diversity data for the same populations, this information helps in establishing the historic elements responsible for particular genetic characteristics. To support the present hypotheses, future research needs to focus on genetic diversity values and inter-population relationships, using more loci and individuals per population, as recommended by the FAO^(22,23).

ACKNOWLEDGEMENTS

This research was financially supported by the Coordinación de la Investigación Científica, UMSNH, project 14.6.

End of english version

14. Felsenstein J. Phylogeny inference package (PHYLIP). Version 3.5. University of Washington, Seattle, USA. 1993.
15. Page RD. TREEVIEW: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Comp Applic Biosc* 1996;(12):357-358.
16. Hartl DL, Clark AG. Principles of population genetics. Sinauer Associates. Sunderland, Massachusetts, USA. 1989.
17. Martin AP, Palumbi SR. Body size, metabolic rate, generation time, and the molecular clock. *PNAS* 1993;90(9):4087-4091.
18. Frankham R. Relationship of genetic variation to population size in wildlife. *Conserv Biol* 1996;(10):1500-1508.
19. Soulé ME, Kohm KA. Research priorities in conservation biology. Washington, DC, USA: Island Press; 1989.
20. Frankel OH, Soule ME. Conservation and evolution. Cambridge & New York USA: Cambridge University Press; 1981.
21. Sánchez CJJ. Comportamiento productivo del pavo nativo mexicano, heredabilidad del peso corporal e índice de eficiencia alimenticia [tesis licenciatura]. Morelia, Michoacán, México: Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo; 1999.
22. FAO. Domestic animal diversity information system (DADID). [on line] <http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/workgrp.pdf>. Accessed May 22, 2005.
23. Barker JSF. A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. *Proc. 5th World Congr Genet Appl Livest Prod Guelph, Ontario, Canada.* 1994(21):501-508.