

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD DE LA REGIÓN MITOCONDRIAL D-loop EN UNA POBLACIÓN DE VENADO COLA BLANCA MEDIANTE LA TÉCNICA DE BESS-T.

Ana M. Sifuentes-Rincón, Eugenia Cienfuegos-Rivas¹, Diana Reséndez-Pérez, Alejandro Sánchez Varela, Maurilio González Paz, Hugo A. Barrera-Saldaña

Centro de Biotecnología Genómica. Instituto Politécnico Nacional. Boulevard del Maestro esq. Elías Piña, Col. Narciso Mendoza, Cd. Reynosa, Tam. C.P. 77810. Tel.: (52-899) 925 39 96, Fax: (52-899) 925 16 56

E-mail: ana@mail.cbg.ipn.mx.

Palabras clave: mtDNA, variabilidad, venado cola blanca

Introducción. El conocimiento de los patrones de variación genética entre los individuos de una población es de gran importancia ya que se pueden establecer de manera precisa la distribución geográfica de las diferentes poblaciones e identificar las posibles unidades de manejo para el diseño de estrategias de repoblación y/o reproducción. Los marcadores moleculares basados en regiones hipervariables del DNA mitocondrial son de gran utilidad, ya que al ser heredados por línea materna permiten establecer los patrones de dispersión geográfica y/o movimiento de germoplasma (1). El gran auge que ha adquirido el venado cola blanca (*O. virginianus*) en los últimos años hace necesaria la implementación de medidas encaminadas a su manejo, explotación y conservación adecuadas. En el país se han descrito 14 subespecies de *O. virginianus*, cuatro de las cuales se distribuyen en la región noreste siendo *O.v. texanus* y *O.v. carminis* las más importantes desde el punto de vista cinético (2). En este trabajo nos propusimos analizar una región del DNA mitocondrial provenientes de una población de *O.v. texanus* distribuida en la región noreste con el fin de sentar las bases para la implementación de estrategias para el manejo de esta especie.

Metodología. De acuerdo al calendario de captura 2001 se obtuvieron muestras de pelo de 125 individuos de *O.v. texanus*, a partir de las cuales se extrajo el ADN. Para la obtención de la región D-loop del ADN mitocondrial, se diseñaron un par de iniciadores los cuales fueron utilizados para la amplificación por PCR. Cada producto de amplificación fue analizado para la búsqueda de mutaciones utilizando la técnica de BESS-T y el secuenciador semiautomatizado de la marca LICOR. Los patrones de mutación fueron obtenidos por lectura directa de los geles y expresados en una matriz binaria la cual fue analizada con el programa computacional eDollop.

Resultados y discusión. El análisis de los patrones de BESS-T obtenidos para los individuos bajo estudio mostraron cambios principalmente en dos regiones las cuales fueron denominadas como R1 y R2 (Fig. 1), a partir de estas regiones se hizo la lectura de los patrones electroforéticos los cuales fueron expresados en una matriz binaria, la cual dió como resultado 16 haplotipos compuestos distribuidos en la población bajo estudio. Uno de los haplotipos mostró la mayor frecuencia y esta presente en individuos provenientes de Tamaulipas y Nuevo León. El análisis de agrupamiento

de los todos los datos obtenidos permite observar una distribución de los haplotipos encontrados en específicos y compartidos entre los estados de Tamaulipas, Nuevo León y Coahuila

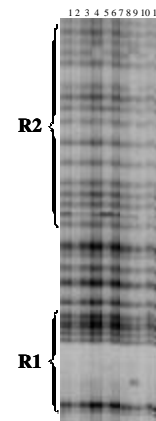


Fig. 1. Se muestra el resultado de un gel de BESS-T, en el cual se indican las regiones 1 y 2 a partir de las cuales se hizo el análisis de mutación en la población bajo estudio.

Conclusiones. Se lograron establecer las condiciones de amplificación y detección de mutaciones a partir de muestras de pelo para el estudio de la variabilidad genética del venado cola blanca *O.v. texanus* en muestras provenientes del noreste de México. Una vez validados los resultados obtenidos a la fecha mediante el estudio de un número mayor de muestras provenientes de los diferentes estados del noreste del país, estaremos en posibilidad de establecer sus patrones de distribución en las diferentes poblaciones en estudio, generando de esta forma información precisa para el diseño de estrategias de manejo.

Agradecimiento. Los autores agradecen el apoyo financiero de la CGPI-IPN al proyecto con clave 20011081, al PIFI-IPN por la beca otorgada a Carlos A. López Morales. Se agradece a ANGADI y a Karla Logan por la obtención de las muestras.

Bibliografía.

1. Avise, J. *Molecular Markers*. Chapman & Hall, New York, NY. Second Edition 1994.
2. Villarreal, J.G., 1999. *Venado de cola Blanca: manejo y conservación*. Unión de ganaderos de Nuevo León.

