

USO DE MARCADORES MICROSATÉLITES DE BOVINO, PARA LA DETERMINACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DEL VENADO DE COLA BLANCA (*O. virginianus*)

Ana M. Sifuentes-Rincón, Roberto San Martín, Eugenia Cienfuegos Rivas¹, Karla Logan¹ y Hugo A. Barrera-Saldaña

Centro de Biotecnología Genómica-IPN. Blvd. Del Maestro esq. con Elías Piña Col Narciso Mendoza, Cd. Reynosa, Tam. C.P 88710 FAX (89) 25 16 56. ¹UAM-Agronomía y Ciencias UAT.

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

Palabras clave: diversidad genética, microsatélites, venado

Introducción. Actualmente, es de gran importancia la conservación de la diversidad genética de las especies silvestres, especialmente en el caso de aquellas especies de interés socioeconómico (1). El advenimiento de las técnicas moleculares ha hecho posible el desarrollo de una serie de herramientas que permiten determinar la variabilidad genética entre individuos (2), lo cual es de gran utilidad para el diseño de estrategias de conservación, manejo y mejoramiento.

El aprovechamiento cinegético del venado de cola blanca (*O. virginianus*) ha adquirido gran auge en la zona noreste del país, lo cual ha fomentado el interés por conocer de manera precisa la biología y comportamiento de esta especie. 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* la más importante desde el punto de vista cinegético (3).

Aun cuando existen reportes muy precisos sobre la distribución de las subespecies del venado de cola blanca en el país, la investigación de su variabilidad genética y distribución regional es casi nula (4).

En este trabajo nos propusimos poner a prueba una serie de marcadores moleculares derivados del genoma de bovino, con el fin de probar su utilidad en la determinación de la variabilidad genética de las subespecies de *O. virginianus* de la región noreste del país.

Metodología. Debido a que la toma de muestras esta sujeta al calendario de caza y capturas establecido por ANGADI (Asociación Nacional de Ganaderos Diversificados Criadores de Fauna), el primer paso fue la implementación de las técnicas de aislamiento del DNA. A partir de muestras de fácil obtención como lo son mancha de sangre en papel o pelo. Para el aislamiento, se utilizó el estuche comercial Wizard PCR Preps DNA Purification Resin de la marca Promega. Debido a las condiciones de algunas de las muestras de mancha de sangre se tuvieron dificultades técnicas para la obtención de material con calidad suficiente para la PCR. Adicionalmente, y debido a que no existían instrucciones específicas de la casa comercial para el uso de este reactivo en muestras de pelo, se llevaron a cabo una serie de adecuaciones y/o modificaciones para la obtención del DNA.

Una vez obtenido el DNA se procedió a la optimización de la PCR utilizando 3 triplex, para la selección de los

marcadores moleculares derivados del genoma de bovino más útiles para el análisis de la variabilidad de *O. virginianus*.

Resultados y Discusión. De acuerdo al calendario de captura en este reporte solo se analizaron muestras provenientes de la subespecie *O. v. texanus*

Se logró la implementación de las metodologías para el aislamiento de DNA a partir de muestras de pelo y mancha de sangre en papel con calidad suficiente para llevar a cabo las reacciones de amplificación.

Una vez estandarizada la PCR para los tres triplex, 6 de los nueve marcadores probados, fueron útiles para la identificación de *O. v. texanus*. Actualmente, hemos iniciado la genotipificación de 100 muestras de *O. v. texanus*. para el análisis de las frecuencias alélicas de cada uno de los seis marcadores.

Conclusiones. Los marcadores moleculares derivados del genoma de bovino han mostrado ser útiles para la genotipificación del genoma de *O.v. texanus*. El análisis molecular con estos marcadores de las subespecies de *O. virginianus* del noreste del país, permitirá concluir sobre su variabilidad genética, lo cual sienta las bases para el mejor entendimiento de la biología de esta especie, así como también para la implementación de estrategias para el manejo de sus diferentes poblaciones.

Agradecimientos. Los autores agradecen a los miembros del apoyo de ANGADI, Dr. Fernando Clemente Sánchez y personal administrativo-académico del CBG_IPN el apoyo para la realización de este proyecto.

Bibliografía

1. Rodney L. Honeycutt.(1999).Genetic Variation in white-tailed deer: implications for management.Consulta en línea <http://texnat.tamu.edu/>
2. Avise, J. (1994). Molecular Markers History and Evolution. Chapman & Hall, New York, NY. Second Edition.
3. Villareal. (1999) Venado de cola Blanca:manejo y conservación. Unión de ganaderos de Nuevo León.