

39

2006

ISSN 1014-2339

**ANIMAL GENETIC
RESOURCES
INFORMATION**

**BULLETIN
D'INFORMATION
SUR LES RESSOURCES
GÉNÉTIQUES ANIMALES**

**BOLETÍN
DE INFORMACIÓN
SOBRE RECURSOS
GENÉTICOS ANIMALES**



The designations employed and the presentation of material in this information product do not imply the expression of any opinion whatsoever on the part of the Food and Agriculture Organization of the United Nations concerning the legal or development status of any country, territory, city or area or of its authorities, or concerning the delimitation of its frontiers or boundaries.

Les appellations employées dans cette publication et la présentation des données qui y figurent n'impliquent de la part de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture aucune prise de position quant au statut juridique ou au stade de développement des pays, territoires, villes ou zones ou de leurs autorités, ni quant au tracé de leurs frontières ou limites.

Las denominaciones empleadas en esta publicación y la forma en que aparecen presentados los datos que contiene no implican, de parte de la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación, juicio alguno sobre la condición jurídica o nivel de desarrollo de países, territorios, ciudades o zonas, o de sus autoridades, ni respecto de la delimitación de sus fronteras o límites.

All rights reserved. Reproduction and dissemination of material in this information product for educational or other non-commercial purposes are authorized without any prior written permission from the copyright holders provided the source is fully acknowledged. Reproduction of material in this information product for resale or other commercial purposes is prohibited without written permission of the copyright holders. Applications for such permission should be addressed to the Chief, Publishing Management Service, Information Division, FAO, Viale delle Terme di Caracalla, 00100 Rome, Italy or by e-mail to copyright@fao.org

© FAO 2006

Tous droits réservés. Les informations ci-après peuvent être reproduites ou diffusées à des fins éducatives et non commerciales sans autorisation préalable du détenteur des droits d'auteur à condition que la source des informations soit clairement indiquée. Ces informations ne peuvent toutefois pas être reproduites pour la revente ou d'autres fins commerciales sans l'autorisation écrite du détenteur des droits d'auteur. Les demandes d'autorisation devront être adressées au Chef du Service des publications, Division de l'information, FAO, Viale delle Terme di Caracalla, 00100 Rome, Italie ou, par courrier électronique, à copyright@fao.org

© FAO 2006

Todos los derechos reservados. Se autoriza la reproducción y difusión de material contenido en este producto informativo para fines educativos u otros fines no comerciales sin previa autorización escrita de los titulares de los derechos de autor, siempre que se especifique claramente la fuente. Se prohíbe la reproducción del material contenido en este producto informativo para reventa u otros fines comerciales sin previa autorización escrita de los titulares de los derechos de autor. Las peticiones para obtener tal autorización deberán dirigirse al Jefe del Servicio de Gestión de las Publicaciones de la Dirección de Información de la FAO, Viale delle Terme di Caracalla, 00100 Roma, Italia, o por correo electrónico a copyright@fao.org

© FAO 2006

Editors - Editeurs - Editores:
S. Galal & J. Boyazoglu

Viale delle Terme di Caracalla, 00100
Rome, Italy

Animal Genetic Resources Information is published under the auspices of the Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). It is edited in the Animal Genetic Resources Group of the Animal Production and Health Division of FAO. It is available direct from FAO or through FAO sales agents.

ANIMAL GENETIC RESOURCES INFORMATION will be sent free of charge to those concerned with the sustainable development conservation of domestic livestock. Anyone wishing to receive it regularly should send their name and address to the Editor, at the address shown above.

AGRI can also be found in the "Library" of DAD-IS at www.fao.org/dad-is.

Le Bulletin d'information sur les ressources génétiques animales est publié sous les auspices de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO). Cette publication est éditée par le Groupe des ressources génétiques de la Division de la production et de la santé animales de la FAO. On peut se le procurer directement au siège de la FAO ou auprès des dépositaires et agents de vente des publications de l'Organisation.

LE BULLETIN D'INFORMATION SUR LES RESSOURCES GÉNÉTIQUES ANIMALES sera envoyé gratuitement aux personnes intéressées par le développement durable et la conservation du cheptel national. Les personnes souhaitant recevoir cette publication régulièrement voudront bien faire parvenir leurs nom et adresse à l'éditeur, à l'adresse susmentionnée.

AGRI peut être consulté également dans la "Bibliothèque" de DAD: www.fao.org/dad-is.

El *Boletín de información sobre recursos genéticos animales* se publica bajo los auspicios de la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO). Se edita en el Grupo de Recursos Zoogenéticos de la Dirección de Producción y Sanidad Animal de la FAO. Se puede obtener directamente de la FAO o a través de sus agentes de venta.

EL BOLETÍN DE INFORMACIÓN SOBRE RECURSOS GENÉTICOS ANIMALES será enviado gratuitamente a quienes estén interesados en el desarrollo sostenible y la conservación del ganado doméstico. Si se desea recibirlo regularmente, se ruega comunicar nombre, apellido y dirección al editor a la dirección arriba indicada. AGRI puede consultarse también en la "Biblioteca" de DAD-IS en: www.fao.org/dad-is.

**ANIMAL GENETIC
RESOURCES INFORMATION**

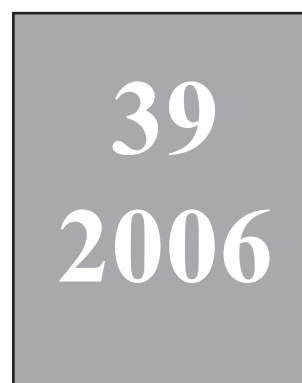
**BULLETIN
D'INFORMATION
SUR LES RESSOURCES
GÉNÉTIQUES ANIMALES**

**BOLETÍN DE
INFORMACIÓN SOBRE RECURSOS
GENÉTICOS ANIMALES**

CONTENTS

Page

Editorial	I
La raza bovina autóctona española Pajuna: Situación actual y programa de recuperación	1
<i>A. Luque, M. Valera, P.J. Azor, F. Goyache, E. Rodero & A. Molina</i>	
Caracterización genética de seis proteínas lácteas en tres razas bovinas cubanas	15
<i>O. Uffo, I. Martín-Burriel, S. Martínez, R. Ronda, R. Osta, C. Rodellar & P. Zaragoza</i>	
Krishna Valley cattle in India: status, characteristics and utility	25
<i>S.M.K. Karthickeyan, R. Saravanan & P. Thangaraju</i>	
Caractérisation morphologique des petits ruminants (ovins et caprins) de race locale "Mossi" au Burkina Faso	39
<i>A. Traoré, H.H. Tamboura, A. Kaboré, N. Yaméogo, B. Bayala & I. Zaré</i>	
Germplasm characteristics and conservation of Tongcheng pig: A case study for preservation and utilization of Chinese indigenous pig breeds	51
<i>B. Fan, Z.L. Tang, S.P. Xu, B. Liu, Z.Z. Peng & K. Li</i>	
Characterization of Punjab Brown chicken	65
<i>P.K. Vij, M.S. Tantia & R.K. Vijn</i>	
Genetic differentiation of Indian camel (<i>Camelus dromedarius</i>) breeds using random oligonucleotide primers	77
<i>S.C. Mehta, B.P. Mishra & M.S. Sahani</i>	
Recent publications	88
Editorial Policies and Procedures	95



Editorial Advisory Board (EAB) of Animal Genetic Information (AGRI)

- Editor-in-Chief: R. Cardellino, Senior Officer, Animal Genetic Resources, FAO
- Editors: J. Boyazoglu (Greece);
S. Galal (Egypt);
- Editorial Board: L. Ollivier, Chairperson (France);
L. Alderson (United Kingdom);
J.S. Barker (Australia);
P. Bhat (India);
J.V. Delgado Bermejo (Spain);
M. Djemali (Tunisia);
J. Hodges (Canada);
K. Ramsay (South Africa);
E. Rege (ILRI);
A. Tewolde (Mexico);
- Technical Editor: C. Mosconi.

The following is the address for each of the members of the Editorial Advisory Board.

- Ricardo Cardellino, FAO, Viale delle Terme di Caracalla 1, 00100 Rome, Italy
Tel.: +33 06 57055620, ricardo.cardellino@fao.org
- Jean Boyazoglu, Senior Livestock Specialist, 51 Porte de France, 06500 Menton, France
Tel.: +33 49 3284617, jean.boyazoglu@wanadoo.fr
- Salah Galal, Animal Production Department, Faculty of Agriculture, University of Ain Shams, PO Box 68, Hadaeq Shubra 11241, Cairo, Egypt
Tel.: +20 2 634408, sgalal@tedata.net.eg
- Louis Ollivier, INRA-Station de Génétique Quantitative et Appliquée, CRJ, Domaine de Vilvert, 78352 Jouy-en-Josas Cédex, France
Tel.: +33 1 34652190, ugenlol@dga2.jouy.inra.fr
- Lawrence Alderson, Countrywide Livestock Ltd, 6 Harnage, SY5 6EJ Shrewsbury, Shropshire, UK
Tel.: +44 195 2510030, alderson@clltd.demon.co.uk
- J. Stuart Barker, Dept. of Animal Science, University of New England, NSW 2351 Armidale, Australia
Tel.: +61 7 54358365, sbarker@une.edu.au
- Pushkar Nath Bhat, Indian Association for Animal Production, World Buffalo Trust, Flat N° 205 N° F64-C/9 Sector 40, 201 303 Noida (UP), India
Tel.: +91 11 91579627, pnbhat@bol.net.in
- Juan Vicente Delgado Bermejo, Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Campus de Rabanales Edificio C-5 (Gregor Mendel), 14071 Córdoba, Spain
Tel.: +34 957 218661, id1debej@lucano.uco.es
- Mnouer Djemali, Institut National Agronomique de Tunis, 43, avenue Charles Nicole, Tunis, Tunisia,
Tel.: +216 1 289683/289431, djemali.mnaouer@inat.agrinet.tn
- John Hodges, Lofererfeld 16, 5730 Mittersill, Austria,
Tel.: +43 6562 5481, hodgesjohn@compuserve.com
- Keith Ramsay, Senior Livestock Specialist, Private Bag X 138, 0001 Pretoria, Gauteng, South Africa
Tel.: +27 12 3197448, KeithR@nda.agric.za
- Ed Rege, Animal Breeding and Production Systems, ILRI, PO Box 5689, Addis Ababa, Ethiopia,
Tel.: +251 1 613215, e.rege@cgiar.org
- Assefaw Tewolde, Inovacion y Tecnologia/Biotecnologia, Instituto Interamerican de Cooperacion para la Agricultura (IICA), Sede Central, Coronado, San Jose, Costa Rica, atewolde@uamac.uat.mx
- Cesare Mosconi, EAAP, Via G. Tomassetti 3, 00161 Rome, Italy
Tel.: +39 06 44202639, mosconi@eaap.org

Editorial - *The State of the World's Animal Genetic Resources: a milestone in the FAO's animal genetic resources programme*

The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture has been published in draft version¹. This report is the result of a process that was initiated in 2001. The core of the information for *The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture* was provided by the 169 governments that submitted Country Reports. In each of these countries a team of experts including the National Coordinators for the Management of Animal Genetic Resources, and the National Consultative Committees, contributed to the development of the Country Reports. This process was supported by a team of regional trainers and facilitators. A number of international organization contributed reports on their activities related to animal genetic resources management. Thematic studies on the state of the art in certain subject areas were commissioned by FAO and prepared in collaboration with other organizations. A team of Country Report analysts, authors and reviewers contributed to the development of the report.

The draft report will be presented to the Fourth Session of the Intergovernmental Technical Working Group on Animal Genetic Resources^{2,3}, finalized in the light of comments received by government delegations, and launched at the First International Technical Conference on Animal Genetic Resources in Interlaken, Switzerland, in September 2007.

As part of *The State of the World's Animal Genetic Resources*, draft *Strategic Priorities for Action* have been developed on the basis of the country needs expressed during the process, and drawing on other consultations and studies. *The Strategic Priorities for Action* are intended to be a rolling global action plan with an initial time horizon of ten years, comprising measures for the sustainable use, development and conservation of animal genetic resources for food and agriculture at national, regional and global levels. They will be discussed by the Working Group, reviewed and potentially adopted at the International Technical Conference. Consensus on how best to address priorities for the sustainable management of animal genetic resources and to raise awareness and appreciation of their various roles and values will boost the implementation of actions at country level.

The finalization of *The State of the World's Animal Genetic Resources* and the adoption of *The Strategic Priorities for Action* provide a unique opportunity to reflect on the past achievements of the Global Strategy, and to obtain a clear vision for planning future work and cooperation in the medium and long term. This will be a major achievement of the Global Strategy, and milestone for the work of the Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture in the area of animal genetic resources.

The Editors

¹<http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/genetics/documents/AH473e00.pdf>

²<http://www.fao.org/ag/cgrfa>

³<http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/genetics/angrvent2006.html>

Éditorial - *L'état des ressources zoogénétiques dans le monde*: un événement marquant dans le programme de la FAO pour les ressources zoogénétiques

Une ébauche¹ de *L'état des ressources zoogénétiques dans le monde* a été publiée. Ce rapport est le résultat d'un processus initié en 2001. L'information essentielle contenue dans *L'état des ressources zoogénétiques dans le monde pour l'alimentation et l'agriculture* a été fournie par les 169 gouvernements qui ont soumis leurs Rapports Nationaux. Dans chacun de ces pays une équipe d'experts, y compris les Coordinateurs Nationaux pour la Gestion des Ressources Zoogénétiques et les Comités Consultatifs Nationaux, ont contribué à la préparation des Rapports Nationaux. Ce processus a reçu l'appui d'une équipe régionale de formation et facilitation. Certaines organisations internationales ont contribué avec des rapports sur leurs activités sur la gestion des ressources zoogénétiques. La FAO a réalisé avec la collaboration d'autres organisations des études thématiques sur la situation actuelle dans certains domaines spécifiques. Une équipe d'analystes, auteurs et réviseurs a contribué à la rédaction du Rapport National.

L'ébauche du rapport sera présentée lors de la quatrième session du groupe de travail technique intergouvernemental sur les ressources zoogénétiques^{2,3}, et elle sera corrigée suite aux commentaires des délégations gouvernementales reçus lors de la première conférence technique internationale sur les ressources zoogénétiques qui aura lieu à Interlaken, en Suisse, en septembre 2007.

Faisant suite aux besoins exprimés pendant ce processus, ainsi qu'aux

consultations et études postérieures, un document provisoire a été élaboré sur les *priorités stratégiques d'action* qui fait partie de *L'état des ressources zoogénétiques dans le monde*. Ces *priorités stratégiques d'action* deviendront un plan d'action principal avec un horizon temporel de dix ans qui tiendra compte des mesures nécessaires pour l'utilisation durable, le développement et la conservation des ressources zoogénétiques pour l'alimentation et l'agriculture aux niveaux national, régional et mondial. Ce document sera discuté par le groupe de travail, revu et potentiellement adopté lors de la conférence technique internationale. Le consensus sur comment faire face aux priorités pour la gestion durable des ressources zoogénétiques et prendre conscience et apprécier ses différents rôles et valeurs encouragera la mise en oeuvre des actions au niveau national.

La finalisation de *L'état des ressources zoogénétiques dans le monde* et l'adoption des *priorités stratégiques d'action* fourni l'opportunité unique d'illustrer les exploits atteints dans le passé avec la stratégie mondiale ainsi qu'une vision claire sur le mode de planifier le travail futur et la coopération à moyen et long terme. Cela représente aussi l'exploit le plus important de la stratégie mondiale et un défi pour le travail à réaliser par la commission sur les ressources pour l'alimentation et l'agriculture dans le domaine des ressources zoogénétiques.

Les Editeurs

¹<http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/genetics/documents/AH473e00.pdf>

²<http://www.fao.org/ag/cgrfa>

³<http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/genetics/angrovent2006.html>

Editorial - *El Estado Mundial sobre los Recursos Zoogenéticos: un hito en el programa de la FAO para los recursos zoogenéticos*

El *Estado Mundial sobre los Recursos Zoogenéticos* ha sido publicado en versión borrador¹. Este informe es el resultado de un proceso iniciado en 2001. La información esencial contenida en el *Estado Mundial sobre los Recursos Zoogenéticos para la Alimentación y la Agricultura* ha sido proporcionada por los 169 gobiernos que han entregado sus Informes Nacionales. En cada uno de estos países un equipo de expertos, que incluye a los Coordinadores Nacionales para la Gestión de los Recursos Zoogenéticos y a los Comités Consultivos Nacionales, ha contribuido al desarrollo de los Informes Nacionales. Este proceso ha contado con el apoyo de un equipo regional formado por extensionistas y capacitadores. Algunas organizaciones internacionales contribuyeron con informes sobre sus actividades sobre gestión de recursos zoogenéticos. La FAO llevó a cabo en colaboración con otras organizaciones estudios temáticos sobre la situación actual en ciertas áreas específicas. Un equipo de analistas, autores y revisores contribuyeron a la redacción del Informe Nacional.

La versión borrador del informe será presentada durante la Cuarta Sesión del Grupo de Trabajo Técnico Intergubernamental sobre Recursos Zoogenéticos^{2,3}; dicha versión se corregirá a la luz de los comentarios recibidos por parte de las delegaciones gubernamentales durante la Primera Conferencia Técnica Internacional sobre Recursos Zoogenéticos que tendrá lugar en Interlaken, Suiza, en Septiembre 2007.

En base a las necesidades expresadas durante este proceso, así como a posteriores consultas y estudios, se ha desarrollado un documento provisional sobre las *Prioridades Estratégicas de Acción* que es parte del *Estado Mundial sobre los Recursos Zoogenéticos*. Se considera que estas *Prioridades Estratégicas de Acción* deberán convertirse en un plan de acción principal con un horizonte temporal de diez años que incluirá medidas para el uso sostenible, el desarrollo y la conservación de los recursos zoogenéticos para la alimentación y la agricultura a los niveles nacional, regional y mundial. Este documento será debatido por el Grupo de Trabajo, revisado y potencialmente adoptado durante la Conferencia Técnica Internacional. El consenso sobre cómo hacer mejor frente a las prioridades para la gestión sostenible de los recursos zoogenéticos y tomar conciencia y apreciar sus distintos roles y valores incentivará la implementación de las acciones a nivel nacional.

La finalización del *Estado Mundial sobre los Recursos Zoogenéticos* y la adopción de las *Prioridades Estratégicas de Acción* proporciona una oportunidad única de ilustrar los logros alcanzados en el pasado con la Estrategia Mundial, y obtener una visión clara sobre cómo planificar el trabajo futuro y cooperar a medio y largo plazo. Éste será el logro más importante de la Estrategia Mundial y un reto para el trabajo que llevará a cabo la Comisión sobre Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura en el área de los recursos zoogenéticos.

Los Editores

¹<http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/genetics/documents/AH473e00.pdf>

²<http://www.fao.org/ag/cgrfu>

³<http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/genetics/angrovent2006.html>

La raza bovina autóctona española Pajuna: Situación actual y programa de recuperación^a

A. Luque¹, M. Valera², P.J. Azor³, F. Goyache⁴, E. Rodero⁵ & A. Molina³

¹Asociación de Criadores de Ganado Vacuno de Raza Pajuna (GRAPA), Partido Rural de Sigüela s/n, Apto. Correos 159, 29400 Ronda, Málaga, España

²Departamento de Ciencias Agroforestales, EUITA, Universidad de Sevilla, Crtra. de Utrera Km. 1, 41013 Sevilla, España

³Departamento de Genética, Universidad de Córdoba, Campus Universitario de Rabanales, Edificio Mendel, Crtra. Madrid-Cádiz, km. 373a, 14071 Córdoba, España

⁴Área de Genética y Reproducción Animal, Serida-Somió, 33203 Gijón, España

⁵Departamento de Producción Animal, Universidad de Córdoba, Campus Universitario de Rabanales, Crtra. Madrid-Córdoba, km. 373a., 14071 Córdoba, España

Resumen

La raza bovina Pajuna es una raza autóctona andaluza que está al borde de la extinción. Su aptitud es mixta carne-trabajo y es posiblemente la raza española más rústica, al ser capaz de adaptarse a los medios marginados, aprovechando los escasos recursos de las sierras andaluzas, que no pueden ser utilizados por otras razas más carniceras.

El cruzamiento indiscriminado con razas especializadas, la mecanización del campo y la pérdida del hábitat de explotación han llevado esta raza a una situación de inminente desaparición, con sólo 300 animales puros, relegados en la mayoría de los casos a meros vientres para el cruce industrial en vacadas mixtas.

En el presente artículo describimos la situación actual y las causas que la han llevado a esta situación, así como las actuaciones de la Asociación de Criadores (GRAPA), creada en el año 2001, dentro de un programa de preservación y recuperación. Estas razones se pueden resumir en la localización de todos los efectivos existentes, el análisis de la estructura demográfica de la población, la actualización de su estándar racial y creación del Libro Genealógico, la caracterización genética, y determinación del

nivel de variabilidad intra e interpoblacional a partir del polimorfismo de loci moleculares microsatélites como a través de la variabilidad de la región control del ADN mitocondrial.

Summary

The Pajuna is a cattle breed native to Andalusia in Spain. It is an endangered breed exhibiting both meat quality and draft animal attributes. The Pajuna breed is possibly the most resilient bovine breeds in Spain. This breed is adapted to adverse conditions, taking advantage of the limited resources of the Andalusian mountains which cannot be used by other breeds. However, massive crossbreeding with other breeds, the mechanization of rural areas and the loss of its habitat have led this breed to the brink of extinction. At the moment there are 300 pure animals, most of which are females destined for industrial crossing in

^aEste trabajo ha sido financiado gracias al proyecto INIA RZ 02-007. Caracterización socioeconómica, productiva y genética de la raza bovina Pajuna: Bases para el desarrollo de estrategias para su preservación, conservación y desarrollo sostenible

mixed farms. The present work is intended to describe the causes of this situation. The Association of Breeders (GRAPA), created in 2001, is working towards a program of preservation and recovery for this breed and accordingly the following steps have been taken. The existing population of Pajunas has been identified, and an analysis made of its demographic structure allowing for the establishment of a breed standard and the creation of a studbook. We have also genetically characterized this breed. The level of inter- and intra-population variability has been determined using polymorphism of microsatellites loci and D-loop region of the mitochondrial DNA (mtDNA).

Palabras clave: Peligro de extinción, Razas bovinas, Libro Genealógico, Variabilidad genética, Nivel de pureza, Reacciones de PCR múltiple, Diversidad genotípica, Coeficiente de consanguinidad.

Introducción

La raza bovina Pajuna, es una de las razas bovinas andaluzas consideradas en inminente peligro de extinción debido principalmente al cruzamiento con otras razas selectas (Molina *et al.*, 2005). El RD 1682/1997, de 7 de noviembre, en el que se actualiza el catálogo oficial de razas de ganado de España, la considera como una raza de protección especial. También se le conoce por *Serrana*, debido a ser considerada como la raza de las sierras andaluzas, y como *Castellana*.

Por su gran rusticidad, es capaz de adaptarse a los medios más difíciles (en terrenos escarpados y fríos de alta montaña, a veces nevados y frecuentemente compartiendo pastos con rebaños caprinos y/o cinegéticos), aprovechando los escasos recursos de los medios marginales, siendo explotada de forma extensiva para carne, contribuye por un lado a la conservación de estas zonas y por otro al mantenimiento de la población humana, siendo un claro ejemplo de desarrollo sostenible (Luque *et al.*, 2001).

Es conocida por la calidad de su carne roja, aunque los antiguos *pastencos*, que son canales de becerros de seis a ocho meses, criados a hierba y 140 kg. de peso vivo, ya no son comerciales y son vendidos a cebaderos (Luque *et al.*, 2003).

Tradicionalmente era explotada por su aptitud trabajo en las zonas costeras de Málaga a Almería y en la Sierra de la Axarquía (Málaga), donde aun quedan gañanes, siendo pieza clave de sus economías rurales en las que era explotada para labrar sus huertas, alimentándose de los rastrojos, estercolando las tierras de labor y dando a su vez un becerro, pero debido a la mecanización del campo, actualmente solo se enganchan toros para romerías. Se surtían de ganaderos que pasaban desde otoño hasta final de la primavera en Sierra Morena, Sierras de Cazorla, Segura y Villas y Serranía de Ronda, Alcornocales, Grazalema e incluso el valle de Alcudia en Castilla la Mancha (donde se apreciaba su aptitud trabajo en las minas), y trashumaban en el estío hacia las Alpujarras y Sierra Nevada. En la actualidad no se llevan a cabo estas prácticas de manejo (Figura 1).

Material y Métodos

Se han localizado todas las explotaciones que poseían algún animal de raza Pajuna y se ha abierto el Libro Genealógico de la raza, incluyendo a los animales en los diferentes registros en función del nivel de pureza. Para ello ha sido necesario discriminar entre los animales que se pueden considerar etnozootécnicamente puros de los animales que presenten una mayor o menor influencia de otras razas, utilizando el patrón de la raza propuesto por Herrera *et al.* (1996).

La estimación del tamaño efectivo de la población (N_e) se obtuvo siguiendo las fórmulas de Latter-Hill y de Wright. El modelo de Latter-Hill (Latter, 1959; Hill, 1972, 1979) viene representado por la siguiente ecuación:

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{16FL} \left[2 + \sigma^2(X_{mm}) + 2(M/F)\sigma(X_{mm}, X_{mf}) + (M/F)^2 \sigma^2(X_{mf}) \right] \\ + \frac{1}{16FL} \left[2 + (F/M)^2 \sigma^2(X_{ff}) + 2(F/M)\sigma(X_{fm}, X_{ff}) + \sigma^2(X_{ff}) \right]$$

donde M y F representan el número de machos y de hembras en edad reproductiva por año; L es el intervalo medio entre generaciones, expresado en años; X_{ij} es el tiempo de vida de la progenie de sexo j del padre de sexo i .

Esta ecuación tiene en cuenta la distribución observada del tamaño de progenie. Sin embargo si asumimos que todos los individuos tienen la misma posibilidad, durante una unidad de tiempo dada, de contribuir a la siguiente generación, la distribución del tamaño de progenie se aproxima a una distribución de Poisson (Kimura and Crow, 1963) quedando la ecuación de N_e como la de Wright (1931): $N_e = (4MLFL) / (ML + FL)$. El incremento de consanguinidad por generación puede aproximarse a $1 / (2N_e)$.

Se ha realizado la valoración etnozootécnica a una prospección de 38 ganaderías y 618 animales (584 hembras y 34 sementales), lo que representa la mitad de las hembras reproductoras y todos los sementales funcionales en la actualidad. Esto permitió la inclusión en el libro genealógico de 22 machos y 295 hembras puras. Se realizaron 6 medidas zoométricas a 71 animales adultos (8 machos y 63 hembras). La caracterización morfológica y faneróptica fue llevada a cabo en 352 animales siguiendo la metodología propuesta por Jordana y Ribo (1991) y Rodero *et al.*, (1994), que incluye 30 variables cualitativas.

Para la caracterización genética de la raza Pajuna, el análisis de la variabilidad intra e interpoblacional y la elección del panel de marcadores más eficaz para el control de filiación en esta raza, se han genotipado 51 animales, utilizando 31 microsatélites recomendados por el grupo de expertos de la FAO (1999) e ISAG para estudios de diversidad genética en bovino. Además de

los 51 animales pajunos analizados, en determinados análisis se han utilizado las frecuencias alélicas de 25 animales de raza Berrenda en Negro, 25 de Berrenda en Colorado y 14 animales de raza Cárdena Andaluza (Rodero, 2003).

El procesado de las muestras se ha llevado a cabo según técnicas estándares puestas a punto en nuestro laboratorio de genética molecular. Para su amplificación se han agrupado en reacciones de PCR múltiple (Azor *et al.*, 2003). Las frecuencias alélicas se han calculado mediante recuento directo.

La variabilidad genética que se mantiene en la población actual se ha estimado mediante diferentes parámetros (diversidad alélica, heterocigosidad observada y esperada, el número efectivo de alelos y la diversidad genotípica). Para conocer la estructura genética de las subpoblaciones de la raza Pajuna, hemos estimado los estadísticos-F de Wright (F_{IS} , F_{IT} y F_{ST}). Así mismo hemos estimado la distancia genética de Reynolds (Reynolds *et al.*, 1983), una distancia que se ha mostrando muy adecuada para la diferenciación de poblaciones que han divergido hace muy poco tiempo. Finalmente se ha realizado un análisis de la posibilidad de asignar los distintos individuos analizados (genotipos) a sus respectivas poblaciones. Para ello se ha utilizado el procedimiento de máxima verosimilitud con remuestreo bootstrapping (Paetkau *et al.* 1995, 1997).

El coeficiente de consanguinidad ha sido estimado de forma indirecta a partir de las heterocigosidades observadas y esperadas del grupo de marcadores genéticos siguiendo la metodología propuesta por Nei y Kumar (2000).

Para la estimación del parentesco molecular entre los diferentes individuos, se ha utilizado el estimador R (total relatedness estimate) definido por Wang (2002), a partir



Figura 1. Rebaño de vacas de raza Pajuna en su medio ambiente típico.

de los estimadores PHI y DELTA (Lynch and Ritland, 1999, Li *et al.*, 1993).

Con respecto al análisis del ADN mitocondrial en la raza Pajuna, se ha realizado la amplificación de la región *D-loop* utilizando los oligonucleótidos y el protocolo publicados por Loftus *et al.* (1994) para su posterior secuenciación en 9 individuos de raza Pajuna seleccionados para encontrar la mayor diversidad posible de orígenes. Para la amplificación de esta región del ADN mitocondrial se ha seguido la metodología expuesta por Cymbron *et al.* (1999), mediante PCR con oligonucleótidos diseñados por estos autores, denominados AN4 (marcado) y AN3 permiten la amplificación de un fragmento de 375 pares de bases de la región de control del ADN mitocondrial bovino. Asimismo se han obtenido de GenBank las correspondientes secuencias de 10 individuos de raza Limousin (números de acceso AF336502-11), 12 de raza Charolais (números de acceso AF336523-33 y U51817), 11 de raza Brown Swiss (números de acceso AB079362-4, AF16072-78 y AF034438), 2 de raza Retinta (números de acceso AF531410-11), y 11 de raza N'Dama (números de acceso AF336656-63 y U51837-9). Con ello se pretende conocer el grado de influencia del ganado africano más representativo (N'Dama), y alguna de las razas europeas genotipadas que más presencia han tenido en tiempos recientes en el área geográfica en la población Pajuna.

Resultados y Discusión

Evolución censal y situación actual

Según la escasa bibliografía disponible, sus censos han disminuido de forma vertiginosa en los últimos años, bajando desde un par de miles de hembras de raza pura (Aparicio, 1960; Sánchez-Belda, 1984) a varios cientos (Rodero *et al.*, 1992). Los resultados obtenidos han permitido estimar un censo total de la raza de 1 367 cabezas de ganado vacuno con base genética de raza Pajuna,

con distintos niveles de pureza, distribuidos en 106 ganaderías de 9 provincias (todas las andaluzas y Ciudad Real), y un tamaño medio de 12 cabezas/explotación. Estos censos son aparentemente muy superiores a los recogidos en la bibliografía más reciente (Rodero 1999; Sánchez-Belda, 2002), o a las 310 hembras reproductoras con once machos que estiman las bases de datos EAAP y FAO, si bien hay que tener en cuenta que estos últimos sólo incluían animales puros en ganaderías con censos reseñables.

Estas 106 explotaciones pueden ser clasificadas en:

- 19 ganaderías con algún semental de raza Pajuna (cría en pureza aunque también pueda realizar cruce industrial) y un censo total de 416 animales.
- 27 ganaderías dedicadas al cruce industrial (exclusivamente sementales de razas cárnicas especializadas y madres con fuerte base genética Pajuna) y un censo de 719 animales.
- 53 ganaderías de otras razas que cuentan en su cabaña con alguna cabeza de ganado pajuno de distinta procedencia (208 animales pajunos).
- 7 Domadores o gañanes, con un censo de 24 animales que no se aparean (adultos no reproductores).

Destaca que sólo 19 ganaderos poseen al menos un semental de raza Pajuna (menos del 18% del total), cuentan con 333 hembras reproductoras (36% del total de la raza), de las que 121 son del nivel A (38% del total de este nivel y 10,7% del total de la raza). Debido a que la reposición es realizada con novillas de raza Pajuna, el nivel de hembras puras en este núcleo es el más numeroso, superior a la media de toda la raza que es del 25%.

Sólo dos ganaderías poseen más de cincuenta cabezas. Este hecho hace que los ingresos de esta explotación tengan que complementarse con otras actividades, lo que implica que hoy día la explotación del vacuno Pajuno sea una actividad a tiempo parcial poco especializada. Del censo total de animales reproductores de raza Pajuna con un nivel aceptable de pureza (1 133 hembras

reproductoras y 34 toros), tan sólo 287 vacas de vientre y 22 sementales se encuadran en el nivel A (animales puros).

En cuanto a la distribución, según nuestros resultados, a pesar de que su hábitat tradicional ha sido muy amplio, prácticamente todas las serranías y sierras andaluzas, en la actualidad está restringida a núcleos muy reducidos en la Sierra Norte de Sevilla y Sierra Morena Cordobesa, en las Alpujarras Granadinas (animales todos cruzados), Sierras de Cazorla, Segura y Villas e inmediaciones, y animales en vacadas mixtas de la Serranía de Ronda y Sierra de Grazalema (Figura 2). También hemos detectado reductos en la Axarquía malagueña y un rebaño en Almadén (Ciudad Real).

Según su localización geográfica y flujo de genes hemos distinguido cinco zonas de influencia claramente diferenciadas. Éstos en la práctica se están comportando hoy día como núcleos aislados, sin flujo genético entre ellos:

1. Núcleo de *Jaén* (La Carolina y Sierras de Cazorla, Segura y las Villas).
 2. Núcleo de *Ronda* (Sierra de Grazalema, Parque de los Alcornocales y Serranía de Ronda). También llamado núcleo de Málaga.
 3. Núcleo de *Granada* (Cara Norte de Sierra Nevada, Güejar-Sierra, Alpujarras y Almería).
- Los núcleos *Jaén*, *Ronda* y *Granada* coinciden con tres áreas geográficas más o menos bien delimitadas y separadas entre ellas por zonas no ganaderas de campiña.
4. Equidistante entre las tres, en la Sierra de la Axarquía, se sitúa un cuarto núcleo, donde la cría de ganado es casi testimonial y es la única que aún selecciona para aptitud trabajo (*Enganche* o *gañanes*).
 5. Por último, localizamos un núcleo disperso que denominamos *Otros*, muy heterogéneo en cuanto a localización geográfica y sistemas de explotación, formado por animales sueltos insertos en

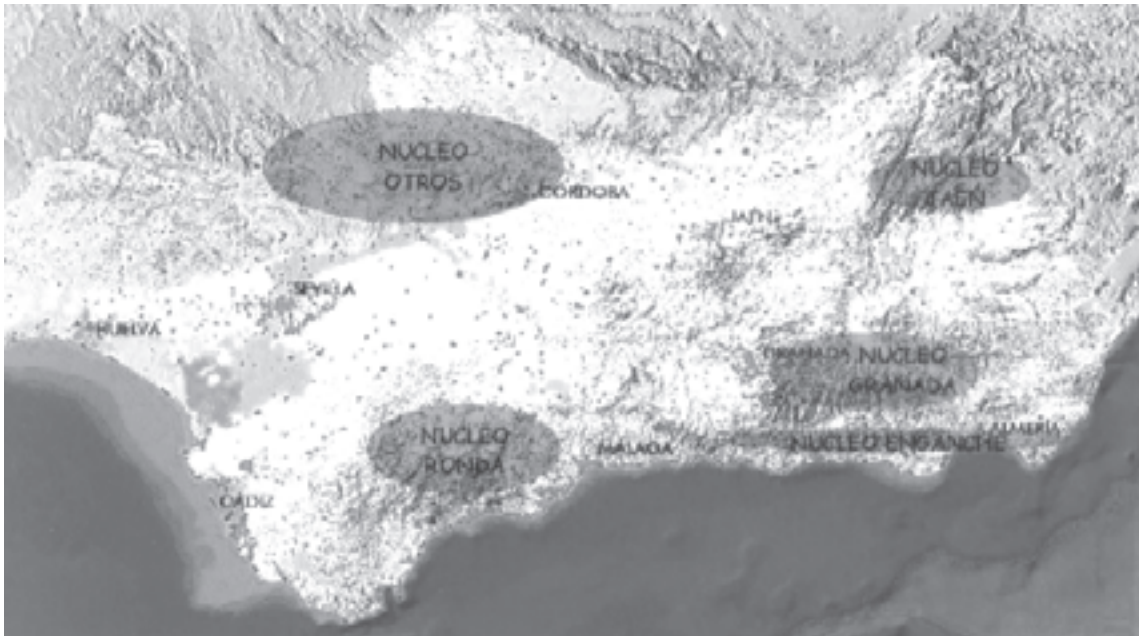


Figura 2. Localización de los principales núcleos geográficos de ganaderías de raza Pajuna, en el sur de España.

vacadas mixtas, que por distintos motivos han terminado fuera de su ubicación habitual.

En la tabla 2 se presenta el tamaño efectivo de cada Núcleo utilizando los censos de la tabla 1 y asumiendo que no existe flujo genético entre los Núcleos y tampoco restricciones al movimiento dentro de cada uno de ellos. Sería por tanto la situación equivalente a la existente en poblaciones pequeñas mantenidas para la preservación en pequeños núcleos aislados.

El tamaño efectivo determina los niveles de deriva genética y consanguinidad y por tanto la pérdida de variabilidad en las pequeñas poblaciones. Es de mucha importancia la posibilidad o no de flujo de reproductores entre núcleos y ganaderías. Así, el concepto de tamaño efectivo de la población (N_e) es importante para

comprender los efectos de la variación en el número de machos y de hembras y del tamaño de familia sobre la deriva genética y la consanguinidad. En función de este N_e la raza Pajuna se encuentra en "peligro sostenido".

Estos resultados son equiparables a los estimados por la EAAP ($N_e=16$), en donde se estima un incremento por generación del 3,13% de consanguinidad.

Se denota que un bajo número de machos reduce el tamaño efectivo de la población drásticamente. Así mismo se puede observar como de seguir el actual aislamiento entre núcleos la situación sería irreparable en muy pocas generaciones.

Las causas por las que ha llegado a la situación en que se encuentra, son básicamente tres (Molina *et al.*, 2003): El cruce indiscriminado con otras razas

Tabla 1. Distribución estimada del número de animales reproductores por núcleo y nivel de pureza.

Zona/Nivel de pureza	Machos			Hembras				Ganaderos
	A	B	Total	A	B	C	Total	
Jaén	3	1	4	71	54	37	162	17
Ronda	5	0	5	50	43	28	121	24
Granada	6	3	9	105	272	365	742	38
Otros	2	0	2	41	16	3	60	14
Axarquía	6	8	14	20	17	11	48	13
Total	22	12	34	287	402	444	1 133	106

Tabla 2. Número efectivo e incremento de consanguinidad esperada en la población de animales Pajunos considerando cuatro núcleos aislados.

		Jaén	Granada	Málaga	Otros
Nº machos	A: 15	3	5	5	2
	B: 1	0	1	0	0
Nº hembras	A: 110	47	21	29	13
	B: 99	35	36	35	3
	C: 65	15	34	15	1
N total		100	97	84	19
Nm		3	6	5	2
Nh		89,5	74	71,5	16,5
Ne		11,6	22,2	18,7	7,1
ΔF		4,3%	2,3%	2,7	7,0%

Nm: Número de machos; Nh: número de hembras; Ne: Tamaño efectivo; ΔF : Incremento de consanguinidad por generación.

foráneas (que ha hecho que en algunas explotaciones con vocación *cruce industrial*, no quede ninguna vaca clasificada en A), falta de criterios de selección o criterios obsoletos (aptitud trabajo aunque puede tener cierta demanda para tirar de las carretas en las romerías) y el desplazamiento de la actividad ganadera en estas zonas por otras más cómodas o rentables (ganado caprino o cinegético y turismo rural principalmente).

Caracterización morfológica de la raza Pajuna

Según nuestros resultados la raza Pajuna es ortoide, mediolínea, de piel basta, de capa castaña con oscurecimientos centrífugos y particularmente bociclara, capa de toros más oscura que hembras y abundante pelo rojo encendido en testuz, mucosas oscuras, de subhipermétrica a subelipométrica, con pesos medios de 375 kg las hembras a 600 kg los machos, variando mucho según la alimentación recibida, según dos modas: Ganado de piara o domado; de esta forma, encontramos ejemplares aislados insertos en vacadas mixtas en pastos de buena calidad, o criados en pesebre y domados para tiro, que alcanzan 550 kg. las hembras y 1 000 kg. los machos. Se corresponden con el morfotipo ambiental (Aparicio, 1960), así, las extremidades son largas para poder defenderse en las zonas escarpadas donde suele pastar, aunque en los animales seleccionados para tiro, el índice de compacidad aumenta, cabeza voluminosa, y cuerna de sección circular en gancho abierto, blancos por la base y negros o caobas por la punta, escaso diámetro bicostal, cruz destacada, ensillado frecuente y de escaso desarrollo muscular, grupa de longitud media, cerrada posteriormente y tendente a la horizontalidad (Figura 3).

El análisis estadístico determinó unos elevados coeficientes de variación y unas significativas diferencias entre Núcleos para la mayoría de las variables zoométricas. En cuanto a los caracteres morfológicos y

fanerópticos, se detectaron diferencias significativas en 14 de las 30 variables analizadas. Estas diferencias son reflejo por una parte del aislamiento reproductivo entre las ganaderías de cada Núcleo y por otra a una selección de la reposición buscando un tipo de animal diferente (y probablemente también a diferente influencia de otras razas en el pasado). El análisis clúster determinó un mayor agrupamiento entre los Núcleos de Jaén y Málaga y una mayor diferenciación en el de Otros. Así mismo el porcentaje de agrupamiento correcto en el análisis discriminante fue del 71%, siendo el Núcleo de Granada con un 82% el que presenta una mejor definición, y el de Ronda (52%) el peor.

Las diferencias significativas observadas son indicativas de unas mayores diferencias fanerópticas que zoométricas, y que éstas se acusan más entre núcleos que entre sexos, y entre animales seleccionados para aptitud carne o trabajo. Este resultado coincide con Aparicio (1960), Sánchez-Belda (1984) y el propio estándar de la raza que distingue dos zonas de producción primaria y secundaria, o de piara y domado respectivamente.

Caracterización genética de la raza Pajuna

Estimación de la variabilidad genética poblacional a partir del polimorfismo de los microsatélites del ADN

Todos los microsatélites utilizados han sido polimórficos. Se han encontrado en esta raza 220 alelos en el total de los marcadores amplificados, siendo el número medio de alelos encontrados por locus de 7,1. Se ha determinado el número de alelos específicos de cada núcleo, es decir, los alelos que se han encontrado en animales de un núcleo que no se han visto en los demás. Se ha visto que hay grandes diferencias en este número de alelos (Málaga=7, Granada=20, Jaén=47). Puesto que las diferencias encontradas pueden estar condicionadas por el tamaño muestral, se hace necesario corregir



Figura 3. Macho y hembra típicos de la raza Pajuna.

calculando para ello la riqueza alélica de acuerdo con la corrección de El Mousadik y Petit (1996). En este caso los valores de riqueza alélica en los tres núcleos han sido prácticamente similares (4 alelos).

Los valores de diversidad genética dentro de núcleos (H_s) han sido ligeramente inferiores en la mayoría de los loci y en el total de todos ellos (0,703) que los valores obtenidos de diversidad genética total ($H_T=0,716$), lo que indica una pérdida de heterocigotos en las subpoblaciones con respecto a la población en conjunto. En cambio, el valor de D_{ST} (*diversidad génica entre los núcleos*) obtenido para el total de los loci no ha sido muy elevado (1,2 %), mostrando un escaso peso en las diferencias entre núcleos en relación con las diferencias entre individuos.

En la población global se observa un mayor número efectivo de alelos ($Nea=3,7$) (Selander, 1976) con respecto a las subpoblaciones (3,13 a 3,5) lo que informa de una pérdida de variabilidad como consecuencia de la subdivisión de una población en pequeños núcleos (efecto Wahlund). En cuanto a la diversidad genotípica (Stoddart y Taylor, 1985) se ha obtenido un valor medio de 3,61 para el conjunto de los loci estudiados en la población global.

El coeficiente de consanguinidad estimado de forma indirecta a partir de las heterocigosidades observadas y esperadas de los 31 microsatélites de ADN analizados siguiendo la metodología propuesta por Nei y Kumar (2000), ha sido del 2,99 %. Este valor (al igual que el de las propias heterocigosidades) muestra una situación de variabilidad genética lo suficientemente alta para que si se corrigen los problemas que se han iniciado (falta de rentabilidad, aislamiento geográfico y sanitario, envejecimiento de la población, dificultad de obtener machos reproductores, etc.) la raza no tenga problemas en superar la situación actual.

En los casos en que no existen registros genealógicos (como ocurre en la raza Pajuna) está cobrando protagonismo el llamado

“parentesco molecular” basado en los marcadores genéticos como los microsatélites (Lynch and Ritland, 1999). Para la estimación de este parentesco molecular entre los diferentes individuos se ha utilizado el estimador R (*Total Relatedness Estimate*) definido por Wang (2002), a partir de los estimadores PHI y DELTA (Lynch and Ritland, 1999, Li *et al.*, 1993). Este análisis se ha realizado tanto en la población global, como para cada una de las subpoblaciones analizadas mediante ADN (Jaén, Granada y Málaga). Según nuestros resultados en la población global se ha obtenido un parentesco medio de 4,54%, con un 36,94% de los apareamientos con un parentesco superior a cero (media del 12,28%).

Cuando realizamos este análisis bajo el supuesto de un flujo genético exclusivamente dentro de cada núcleo (el 46,82% de los posibles apareamientos corresponden a parejas dentro del mismo núcleo geográfico), se observa que el parentesco medio ha sido lógicamente superior al de la población total (cruzamientos dentro y entre grupos geográficos) con una R promedio del 6,36% y un 43,72% de los apareamientos consanguíneos (parentesco medio del 14,55%). En este caso el núcleo que posee un mayor coeficiente de parentesco molecular ha sido Granada (R=8%) y el menor Málaga (R=1,35%). Así mismo han sido Granada y Málaga los núcleos que han presentado mayor y menor porcentaje de apareamientos consanguíneos con un 57,14% y el 3,00% respectivamente.

Cuando se estudian los apareamientos entre animales procedentes de distintos núcleos geográficos, el promedio para el parentesco molecular resulta sensiblemente menor (media de 2,93%) que en el anterior apartado, lo que demostraría el escaso flujo que ha existido entre estos. Los núcleos más distantes genéticamente y que lógicamente presentan menor porcentaje de parentesco han sido Jaén x Málaga (2,01%) y Málaga x Granada (2,13%), coincidiendo con los resultados obtenidos en la estimación de las distancias genéticas calculadas a partir de los microsatélites de ADN. Así mismo,

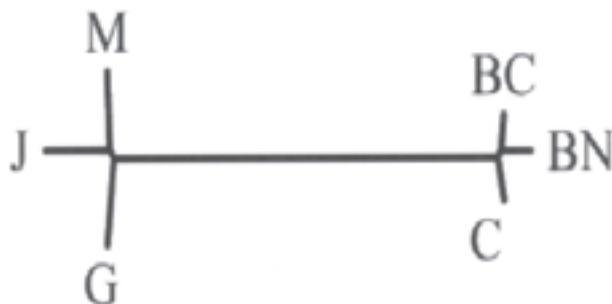
presentan los menores porcentajes de apareamientos consanguíneos con un 25% y 30% respectivamente.

Medida de la variabilidad entre y dentro de núcleos de la raza Pajuna

Se ha obtenido un valor medio de 0,026 para el F_{IS} (defecto o exceso de heterocigotos en cada uno de los núcleos), 0,052 para F_{IT} (defecto o exceso de heterocigotos en la población global) y 0,027 para F_{ST} (nivel de diferenciación genética). Este último valor indicaría la proporción de variación genética debida a la subdivisión de la población, es decir, muestra que casi el 3% de la variabilidad genética total se debe a la diferencia existente entre los núcleos, el resto (97%) sería debida a la diferencia entre individuos dentro de los grupos ($P < 0,05$). Mediante la determinación del flujo de genes entre los 3 principales Núcleos de la raza mediante el número de migrantes por generación (Nm , Wright, 1969) se ha visto que ha sido en general bajo.

En la figura 4 se representa la distancia de Reynolds (Reynolds *et al.*, 1983), una distancia que se ha mostrado muy adecuada para la diferenciación de poblaciones que han divergido hace muy poco tiempo. Según nuestros resultados la población bovina Pajuna está perfectamente diferenciada del resto de razas analizadas. Cuando este análisis se realiza incluyendo los diferentes núcleos de esta raza, el resultado muestra una baja distancia lo que indica que no se constituyen grupos bien diferenciados desde el punto de vista genético.

El análisis de asignación de los distintos individuos analizados (genotipos) a sus respectivas poblaciones ha mostrado una buena discriminación cuando se utilizan los 31 marcadores utilizados ya que en el peor de los casos (en el núcleo de Granada) contamos con una probabilidad del 71,4% de asignar correctamente un animal. En el núcleo de Jaén esta probabilidad es del 81,25% y en el caso de la población de Málaga del 100%. La probabilidad global de asignar correctamente un individuo fue del 80,39%. Tomando todos los núcleos de la raza Pajuna como una única población, la probabilidad de asignación de los animales a esta población ha sido del 98%. Para el caso de la asignación de los individuos a las poblaciones de Berrenda en Colorado, Berrenda en Negro y Cárdena las probabilidades han sido del 92% para las dos primeras y del 100% para la última. El verdadero valor de este estudio está en intentar determinar si el genotipado con el panel de microsatélites sería de utilidad para resolver aquellos casos en los que el historial del animal y/o la etnología no son capaces de resolver la adscripción a una determinada raza (o el determinar el grado de pureza de un grupo de animales). En ningún caso pensamos que debe utilizarse para adscribir animales de los que se desconoce totalmente su historial y su morfología (Molina *et al.*, 2003). La información proporcionada por marcadores moleculares neutros de tipo microsatélite describe similitudes entre poblaciones debidas a antecedentes comunes. Ponzoni (1997) establece que la información de marcadores moleculares neutros permite asegurar que poblaciones cuya apariencia y



G: núcleo de Granada

J: núcleo de Jaén

M: núcleo de Málaga

BC, BN, C: Barrenda en Colorado

Barrenda en Negro y Cárdena, respectivamente

Figura 4. Árboles de distancias genéticas (Reynolds *et al.*, 1983) entre los núcleos de la raza Pajuna y las otras razas.

rendimientos son similares, son en realidad diferentes, pero no que poblaciones cuya apariencia y rendimientos son diferentes sean genéticamente iguales.

Estimación de la variabilidad presente en la región control de la replicación del ADN mitocondrial

El análisis de las 53 secuencias obtenidas mostró 26 sitios polimórficos, configurando, a su vez, 26 haplotipos diferentes para el conjunto de individuos analizados (5 en la raza Pajuna). La raza Pajuna presenta claramente haplotipos de ADN mitocondrial de tipo europeo. Sin embargo, los haplotipos que presenta esta raza son mayoritariamente únicos (presenta 4 haplotipos singulares que no comparte con otras razas), lo que descartaría una introgresión directa vía hembra de las razas bovinas centroeuropeas estudiadas en las razas andaluzas y, especialmente, en la raza Pajuna. Más bien, los datos aportados en el presente análisis sugieren un origen ancestral común de la raza Pajuna respecto de las razas europeas (introgresión de ganado bovino que se llevó a cabo en Europa a partir de los lugares de domesticación del medio Oriente en tiempos prehistórico (Loftus *et al.*; 1994; Bradley *et al.*, 1996; Troy *et al.*, 2001) y un desarrollo autónomo respecto de ellas, si bien el grado de diferenciación entre el ganado europeo siempre debe entenderse como reducido.

Según nuestros resultados existiría una mayor lejanía entre la raza N'Dama y el resto de las razas (entre un 1,6 y un 2,1%), mientras que entre las razas europeas es siempre inferior al 1% siendo la mayor entre las razas Limusín y Retinta (0,9%) y la menor entre la raza Pajuna y la Charolesa (0,3%). Por otra parte, la variabilidad intra raza presenta, en general, valores similares a las distancias entre razas, lo que caracteriza la existencia de una importante variabilidad dentro de cada población. Esto hace que la distancia media entre razas (dA), que tiene en cuenta la variabilidad intrapoblacional, sea cero para todas las parejas de razas

europeas, mientras que la dA de la raza N'Dama respecto de cualquier otra raza europea ha sido del 1,1-1,2%.

Conclusiones

Si atendemos exclusivamente al número de animales con cierto nivel de pureza la situación podría no ser considerada grave, pero si atendemos a los criterios de la EAAP (número de animales puros, la evolución censal, el porcentaje de cría en pureza etc.) está claro que la situación de esta raza es de extrema gravedad. No obstante, según nuestros resultados, esta raza ha mostrado un perfil genético definido y una entidad genética propia y un alto nivel de variabilidad genética. Ello permitirá su recuperación si se solucionan los problemas que la han llevado a la situación en la que se encuentra (aislamiento geográfico y sanitario, falta de rentabilidad de las explotaciones, aislamiento genético de los núcleos que la componen, etc.). En este sentido las medidas iniciadas por la Asociación de Criadores están siendo muy positivas para la recuperación y consolidación de la raza.

La especial importancia que tiene controlar la endogamia y el papel fundamental que tiene en el tamaño efectivo de la población el desequilibrio en el ratio semental/vaca, nos obliga a que el plan de conservación que se establezca garantice que cada semental establezca un flujo de genes a los demás núcleos, y deje un número mínimo de descendientes en él, y que haya descendencia en cada núcleo de sementales de todos los núcleos.

Por último, las tres causas que hacemos responsables de la situación de la raza tienen un trasfondo social, la despoblación rural es un hecho, las actividades lúdicas tipo cinegética o turismo rural requieren menor esfuerzo para obtener mejores resultados, y otras actividades ganaderas más rentables, por lo que para invertir esta situación es necesario no sólo aumentar la renta de los ganaderos, sino profesionalizar sus sistemas

de explotación con mejoras de las condiciones de trabajo y lograr la producción de un producto estandarizado y comercial, convirtiendo a los ganaderos en auténticos empresarios con visión de futuro, que animen a las nuevas generaciones a continuar con la actividad.

Lista de Referencias

- Aparicio G.** 1960. Zootecnia Especial. Etnología Compendiada. Imprenta moderna. Córdoba.
- Azor P.J., A. Molina, M. Valera & A. Luque.** 2003. Diversidad genética de las subpoblaciones de ganado bovino Pajuno. VIII Jornadas Científicas de Veterinaria Militar. Madrid, España.
- Bradley D.G., D.E. McHugh, E.P. Cunningham & R.T. Loftus.** 1996. Mitochondrial diversity and the origins of African and European cattle. Proc. Natl. Acad. Sci USA, 93, 5131-5135.
- Cymbron T., R.T. Loftus, M.I. Malheiro & D.G. Bradley.** 1999. Mitochondrial sequence variation suggests an African influence in Portuguese cattle. Proc. R. Soc. Lond. B 266, 597-603.
- El Mousadik A. & R.J. Petit.** 1996. High level of genetic differentiation for allelic richness among population of the argan tree [*Argania spinosa* (L.) Skeels] endemic to Morocco. Theor. Appl. Genet. 92, 832-839.
- FAO.** 1999. Secondary Guidelines for development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. Measurement of Domestic animal Diversity (MoDAD): Recommended microsatellite markers.
- Herrera M., F. Peña & E. Rodero.** 1996. Manual de campo para la identificación de las razas autóctonas en peligro de extinción en Andalucía. Ed. Junta de Andalucía, pp. 53.
- Hill W.** 1972 Effective size of populations with overlapping generations. Theor. Popul. Biol. 3, 278-289.
- Hill W.** 1979. A note on effective population size with overlapping generations. Genetics 92, 317-322.
- Jordana J. & O. Ribó.** 1991. Relaciones filogenéticas entre razas ovinas españolas obtenidas a partir del estudio de caracteres morfológicos. Investigaciones agrarias Producción y Sanidad Animal. Vol 6. 3, 211-223.
- Kimura M. & J.F. Crows.** 1963. The measurement of population number. Evolution. 17, 279-288.
- Latter B.** 1959. Genetic sampling in a random mating control population of constant size and sex ratio. Australian J. of Biol. Sci. 40, 500-505.
- Li C.C., D.E. Weeks & A. Chakravarti.** 1993 Similarity of DNA fingerprints due to chance and relatedness. Hum. Hered. 43, 45-52.
- Loftus R.T., D.E. MacHugh, D.G. Bradley, P.M. Sharp & E.P. Cunningham.** 1994. Evidence for two independent domestication of cattle. Proc. Natl. Acad. Sci USA, 91, 2757-2761.
- Luque A., A. Molina & Valera, M.** 2001. Situación Actual de la raza bovina pajuna. Primeras Jornadas ibéricas de Razas Autóctonas y productos tradicionales. Elvas. Portugal.
- Luque A., A. Molina, M. Valera, E. Rodero, A. Martínez & P.J. Azor.** 2002. La raza bovina Pajuna: Programa de Recuperación. V Congreso SERGA y III Congreso Ibérico sobre RGA, Madrid, España.
- Luque A., A. Molina, M. Valera, P.J. Azor & M. Luque.** 2003. Caracterización del potencial para la producción de carne de la raza Pajuna. II Jornadas Ibéricas de razas autóctonas y sus productos tradicionales. Sevilla, España.

-
- Lynch M. & K. Ritland.** 1999. Estimation of pairwise relatedness with molecular markers. *Genetics* 152, 1753-1766.
- Molina A., A. Luque, M. Valera, P.J. Azor, E. Rodero & F. Goyache.** 2003. Socioeconomic aspects of the Andalusian mountainous areas bovine of the Pajuna breed. EAAP International Mediterranean Symposium Animal Production and Natural Resources Utilization in Mediterranean Mountain Areas. Ioannina, Greece.
- Molina A., A. Luque, M. Valera, P.J. Azor, E. Rodero & F. Goyache.** 2005. Socioeconomic aspects of the Andalusian mountainous areas bovine of the Pajuna breed. In: Animal production and natural resources utilisation in the Mediterranean mountain areas. EAAP Scientific Series no. 115. Ed. Wageningen Academic Publishers, pp. 432-435.
- Nei M. & S. Kumar.** 2000. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford university press, pp. 236.
- Paetkau D., W. Calvert, I. Stirling & C. Strobeck.** 1995. Microsatellite analysis of population structure in polar bears. *Mol Ecol* 4, 347-354.
- Paetkau D., L.P. Waits, P.L. Clarkson, L. Craighead & C. Strobeck.** 1997. An empirical evaluation of genetic distance statistics using microsatellite data from bear (*Ursidae*) populations. *Genetics* 147, 1943-1957.
- Ponzoni R.W.** 1997. Genetic resources and conservation. In Piper and Ruvinsky (Eds), "The Genetics of Sheep", CAB International, Wallingford, pp. 437-469.
- Reynolds J., B.S. Weir & C.C. Cockerham.** 1983. Estimation of the coancestry coefficient basis for a short-term genetic distance. *Genetics* 105, 767-779.
- Rodero A.** 1999. Domestic Animal Diversity Information System. www.fao.org/dad-is, FAO, Rome, Italy.
- Rodero E.** 2003. Comunicación Personal.
- Rodero E., M.E. Camacho, J.V. Delgado & A. Rodero.** 1992. Study of the Andalusian Minor breeds: Evaluation of the Priorities of conservation. *Animal Genetic Resources Information* 10, 41-52.
- Rodero E., J.V. Delgado, A. Rodero & M.E. Camacho.** 1994. Conservación de razas autóctonas andaluzas en peligro de extinción. Ed. Consejería de Agricultura y Pesca. Junta de Andalucía. Sevilla, Spain.
- Sánchez-Belda A.** 1984. Razas Bovinas Españolas. Ed. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. Madrid, Spain
- Sánchez-Belda A.** 2002. Razas Ganaderas Españolas Bovinas. Ed. Ministerio de Agricultura Pesca y Alimentación, Madrid, Spain, pp. 358.
- Selander R.K.** 1976. Genic Variation in Natural Populations. In: Molecular Evolution, Ayala F.D. (Ed.). Sunderland: Sinauer Associates, pp. 21-46.
- Stoddart J.A. & J.F. Taylor.** 1985. Genotypic Diversity: Estimation and Prediction in Samples. *Genetics*, 118, 705-711.
- Troy C.S., D.E. MacHugh, J.F. Bailey, D.A. Magee, R.T. Loftus, E.P. Cunningham, A.T. Chamberlain, B.C. Sykes & D.G. Bradley.** 2001. Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature* 410, 1088-1091.
- Wang J.** 2002. An Estimator for Pairwise Relatedness Using Molecular Markers. *Genetics*, 160, 1203-1215.
- Wright S.** 1931. Evolution Mendelian Populations. *Genetics*. 16, 107-111.
- Wright S.** 1969. Evolution and the genetics of Populations, Vol. 2. The theory of gene frequencies, University of Chicago, USA.
-

Caracterización genética de seis proteínas lácteas en tres razas bovinas cubanas

O. Uffo¹, I. Martín-Burriel², S. Martínez¹, R. Ronda¹, R. Osta², C. Rodellar² & P. Zaragoza²

¹Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria (CENSA), San José de las Lajas, apartado 10, CP 32 700, La Habana, Cuba

²Laboratorio de Genética Bioquímica, Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, Miguel Servet 177, 50013, Zaragoza, España

Resumen

En el presente estudio se presentan los primeros resultados de la determinación de la estructura genética de tres poblaciones de ganado bovino autóctono cubano: Criollo de Cuba, Cebú Cubano y Siboney de Cuba, para los *loci* de seis proteínas lácteas (CASA1, CASAB, CASA2, CASK, LAA y LGB). Se analizaron un total de 150 individuos (50 por cada raza), mediante análisis de ADN por PCR-RFLP. Se calcularon las frecuencias alélicas para cada *locus* así como condiciones de equilibrio de Hardy-Weinberg. Fueron identificados los alelos CASA1^C y LAA^A como evidencia de la presencia de genes de *Bos indicus* en las tres poblaciones cubanas. Se comprobó la existencia de elevada variabilidad en cada población lo que constituye un elemento importante para trazar estrategias de mejoramiento y/o conservación genética.

Summary

The present study shows the first results of the genetic structure determination of three populations of Cuban autochthonous bovine livestock: Criollo de Cuba, Cebú Cubano and Siboney de Cuba, for the six major milk proteins loci (CASA1, CASAB, CASA2, CASK, LAA and LGB). A total of 150 individuals (50 for each population) were analysed, by means of DNA analysis by PCR-RFLP. The allelic frequencies were

calculated for each locus as well as conditions of Hardy-Weinberg equilibrium. The CASA1^C and LAA^A alleles were identified as evidence of the presence of *Bos indicus* genes in the three Cuban populations. It was proven that the existence of high variability in each population constitutes an important means to establish strategies for improvement and/or genetic conservation.

Abreviaturas:

CASA1: α_{s1} -caseína.
CASAB: β -caseína.
CASA2: s_2 -caseína.
CASK: κ -caseína.
LAA: α -lactoalbúmina.
LGB: β -lactoglobulina.

Palabras clave: polimorfismo, PCR-RFLP.

Introducción

La selección en la especie bovina se ha basado principalmente en la mejora de caracteres cuantitativos como leche, grasa y proteínas controlados por múltiples *loci*. Si además tenemos en cuenta que para conseguir mejorar estos caracteres se actúa principalmente controlando los machos y que las medidas se hacen en individuos adultos, resulta sencillo entender que el progreso genético es lento y costoso.

Los avances producidos acerca del estudio de la importancia de algunos genes sobre

caracteres productivos, permite en este momento priorizar lo que podríamos llamar "caracteres cualitativos" relacionados especialmente con la calidad. Por otra parte, determinados marcadores se consideran herramientas fundamentales para conocer genes de interés económico como los denominados QTLs (Rodríguez-Zas *et al.*, 2002) de aplicación directa en los programas de mejora a través de la Selección Asistida por Marcadores (MAS) (Boichard, 1998; Kenelly *et al.*, 2000; Lara *et al.*, 2002; Grisat *et al.*, 2002; Brunner *et al.*, 2003).

Las proteínas de la leche han sido muy investigadas en países del continente Americano, por su gran potencial de uso en este tipo de Selección Asistida por Marcadores, así como para la caracterización y diferenciación de poblaciones. (Golijow *et al.*, 1999; Kemenes *et al.*, 1999; Lara *et al.*, 2002).

Las proteínas lácteas bovinas incluyen cuatro caseínas (α_{s1} , β , α_{s2} , κ - caseínas) y dos proteínas séricas (α -lactoalbúmina y β -lactoglobulina), cada una de las cuales muestra como mínimo dos variantes genéticas (Eigel *et al.*, 1984). Se han publicado numerosos estudios de asociación de algunas de estas variantes con las características tecnológicas de la leche (Ng-Kwai-Hang *et al.*, 1986; Grosclaude, 1988; Aleandri *et al.*, 1990; Formaggioni *et al.*, 2000). También han sido identificadas variantes genéticas de dichas proteínas que son típicas de razas específicas. Así la variante A de la α -lactoalbúmina se considera como marcador racial de ganado *B. indicus* (Threadgill y Womack, 1990).

El genotipo de las proteínas lácteas hoy puede determinarse a partir de distintos tipos de muestras de las que se puede obtener ADN y por distintas técnicas de genética molecular (PCR/RFLP, SSCPs, SNPs,...) puede determinarse el genotipo de todos los animales sin distinción de sexo, edad o estado fisiológico. Esto supone una gran herramienta pues podemos obtener la información de los machos desde su

nacimiento o incluso en estado embrionario (Osta, 1994).

En el área de Centroamérica y el Caribe no existe abundante información referente a la caracterización por técnicas molecular de rebaños autóctonos. Recientemente se han publicado trabajos de caracterización de diferentes ganados criollos de Latinoamérica que contribuyen al conocimiento del potencial genético de los mismos y brindan la posibilidad de realizar estudios de comparación con sus ancestros europeos (Bonvillani *et al.*, 2000; Veli *et al.*, 2004). En Cuba se han desarrollado estudios de polimorfismo bioquímico a nivel proteico (Fernández, 1980; Pérez-Beato y Fernández, 1981; Pérez-Beato y Granada, 1981; Ronda *et al.*, 1981; Gutiérrez *et al.*, 1989), en las razas bovinas precursoras de nuevos cruzamientos.

En Cuba se ha trabajado para incrementar la potencialidad productiva lechera del ganado bovino existente en el país y para desarrollar paralelamente una explotación adecuada a las condiciones tropicales. Para ello, se han mantenido núcleos de animales identificados como razas autóctonas resistentes al ambiente cálido y húmedo del trópico como el Criollo de Cuba (*Bos taurus*) y el cebú Cubano (*Bos indicus*), y se han logrado cruzamientos que combinan la rusticidad de este ganado resistente y las cualidades productivas de razas importadas. El Siboney de Cuba (5/8 Holstein-3/8 Cebú) es un ejemplo de este último.

Estas poblaciones autóctonas suponen una fuente de información genética que hoy es desconocida y que resulta esencial para los estudios de caracterización genética así como para los estudios de diferenciación y evolución con otras poblaciones.

El objetivo de este trabajo ha sido determinar la estructura genética de las razas Criollo de Cuba, Cebú Cubano y Siboney de Cuba a través de los *loci* de seis proteínas lácteas (α_{s1} -caseína, β -caseína, α_{s2} -caseína, κ -caseína, α -lactoalbúmina y α -lactoglobulina).

Materiales y Métodos

Un total de 150 muestras pertenecientes a las razas Criollo de Cuba, Cebú y Siboney de Cuba fueron analizadas en el presente estudio. De cada raza se tomaron 50 muestras intentando que la selección se realizara al azar. Todas estaban ubicadas en dos empresas genéticas del oeste de La Habana. De las razas cebú y Criollo el total de las muestras provenían de hembras en edad reproductiva, mientras que del Siboney se tomaron, además de las hembras, ocho machos de los que se encontraban en prueba de progenie.

El ADN fue extraído de sangre periférica (Osta, 1994) y de semen en el caso de los individuos machos de la raza Siboney (Lien *et al.*, 1993). Las muestras de ADN fueron tipificadas usando el método PCR/RFLP. Concretamente para la amplificación se utilizó el procedimiento propuesto por los siguientes autores: α_{s1} -caseína (Lien *et al.*, 1993), β -caseína (Medrano y Sharrow, 1991), α_{s2} -caseína, κ -caseína y α -lactoalbúmina (Osta, 1994) y β -lactoglobulina (Medrano y Aguilar-Cordova, 1989). Para ello se preparó una mezcla de reacción que contenía: 50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl (pH 8.8), 1,5 mM MgCl₂, 0,1% de Triton X-100, 0,2 mM de dNTPs, 75 pmol de cada uno de los oligonucleótidos específicos para cada caso y una unidad de la Taq Polimerasa (Promega) en un volumen final de 50 μ l.

La digestión fue realizada con distintos enzimas de restricción (Tabla 1). Para cada reacción se tomaron 10 μ l del producto PCR en un volumen final de 15 μ l, con 1U de cada

enzima, 1,5 μ l de buffer específico para cada una de ellas y se completó el volumen con agua desionizada. Las reacciones de digestión se llevaron a cabo incubando las mezclas de reacción a 37°C durante 3h (Osta, 1994). Los fragmentos de restricción fueron separados en geles de agarosa al 3% en buffer TBE 0,5x y teñidos con bromuro de etidio (0,5 mg/ml).

Para la caracterización genética de cada una de las poblaciones se utilizó el programa BIOSYS-1 (Swofford y Selander, 1989).

Resultados y Discusión

Variación intra-raza. Análisis de *loci* individuales

El análisis de los *loci* de las proteínas lácteas en las poblaciones estudiadas muestra la presencia de los alelos más frecuentes en la mayoría de las poblaciones bovinas. Todos los *loci* fueron polimórficos en las tres razas excepto el *locus* CASA2. En todos los casos los *loci* fueron dialélicos. Las frecuencias alélicas se muestran en la tabla 2. A continuación pasamos a comentar los resultados para cada uno de los *loci* individualmente.

α_{s1} -caseína

El *locus* CASA1 mostró dos alelos CASA1^B y CASA1^C, con elevadas frecuencias génicas, diferentes en las tres razas. El alelo CASA1^C presentó una frecuencia muy elevada (0,95)

Tabla 1. Enzimas de restricción para cada fragmento de proteína amplificado.

Locus	Enzima
CASA1	<i>HphI</i>
CASB	<i>MspI</i>
CASA2	<i>MnII</i>
CASK	<i>HindIII</i>
LAA	<i>MspI</i>
LGB	<i>HaeIII</i>

en el ganado Cebú, e inferior en Siboney (0,64) y en Criollo (0,58). Estas altas frecuencias no son comunes en las razas del género *Bos taurus*, y nuestros resultados son diferentes a los encontrados en la mayoría de las razas pertenecientes a dicho género, donde el alelo más difundido es el CASA1^B, con frecuencias muy cercanas a 1,0 (Osta, 1994; Erhardt, 1993 y 1996; Ikonen *et al.*, 1996). Existen algunas excepciones como Jersey, Guernsey, Normande, Italian Brown, Reggiana y Mondenese con valores inferiores a 0,75-0,85 (Grosclaude *et al.*, 1976). Similares a estos resultados fueron los obtenidos en 10 razas de ganado autóctono portugués por Beja-Pereira *et al.*, (2002) en las que la frecuencia del alelo CASA1^B varían entre 0,58 y 0,80. Litwińczuk y Król (2002) en un estudio llevado a cabo en ganado de carne (Limousine, Hereford y Simmental) encontraron frecuencias alélicas similares a las observadas en *Bos indicus* para el locus CASA1.

Los valores de frecuencias para el alelo CASA1^C tanto en el Criollo Cubano como en

el Siboney confirman la presencia de genes *Bos indicus* en su genofondo. En el primero es una evidencia de que en algún momento este fue cruzado con ganado Cebú y en el segundo son el resultado de la presencia del Cebú en la creación de la raza. Así, se puede considerar este alelo como marcador del ganado acebuado cubano.

β -caseína

Las tres razas estudiadas mostraron dos alelos en el locus CASB, siendo el alelo más frecuente CASB^A (0,90 a 0,69, tabla 2). Estos resultados coinciden con los descritos por Escoda *et al.*, (1981) quienes encontraron frecuencias muy elevadas del alelo CASB^A en la raza Carora venezolana y en un grupo de animales Cebú, en el cual este alelo estaba prácticamente fijado ($v=0,99$). Nuestros resultados son similares a los obtenidos por Osta (1994) en razas españolas con una frecuencia del alelo CASB^B baja (de 0,03 a 0,10), excepto en Parda Alpina en que la

Tabla 2. Frecuencias alélicas de las proteínas lácteas α_{s1} -caseína, β -caseína, α_{s2} -caseína, κ -caseína, α -lactoalbúmina, β -lactoglobulina en tres razas bovinas cubanas.

Variantes	Grupo genético		
	Criollo de Cuba	Siboney de Cuba	Cebú Cubano
CASA1			
B	0,42	0,36	0,05
C	0,58	0,64	0,95
CASB			
A	0,90	0,69	0,90
B	0,10	0,31	0,10
CASA2			
A	1,00	1,00	1,00
CASK			
A	0,70	0,78	0,84
B	0,30	0,22	0,16
LAA			
A	0,39	0,44	0,40
B	0,61	0,56	0,60
LGB			
A	0,30	0,20	0,24
B	0,70	0,80	0,76

frecuencia de CASB^B fue algo superior (0.37). Van Eenennaam y Medrano, (1991) y Litwinzuk y Krol, (2002) encontraron valores similares en ganado Holstein. La diferencia entre las variantes A y B de esta proteína ha sido muy estudiada ya que el alelo (CASB^B) proporciona a la leche características idóneas para la producción de quesos (Jacob y Puhan, 1992).

α_{s2} -caseína

Para este *locus* el alelo CASA2^A resultó fijado en las tres razas cubanas analizadas, como ocurre en la población española Rubia Gallega (Osta *et al.*, 1995). Estos mismos autores señalaron que en las razas Parda Alpina, Asturiana de los Valles y Frisona el alelo CASA2^A fue muy frecuente (0,93-0,99), observándose valores ligeramente superiores en razas autóctonas francesas Montbéliarde y Vosgiènhe (Grosclaude *et al.*, 1988). Resultados similares han sido descritos por Ikonen *et al.*, (1996) y Erdhardt en el mismo año, quienes encuentran el alelo A prácticamente fijado en las razas Ayrshire Finlandesa ($v=0,991$) y Limpurger alemana ($v=0,984$).

κ -caseína

La tipificación del *locus* CASK mostró dos alelos en las tres razas estudiadas. El alelo predominante fue CASK^A, con valores de frecuencias de 0,70 en Criollo, 0,78 en Siboney y 0,84 en Cebú (Tabla 2). La mayor frecuencia del alelo A ha sido una característica común en la mayoría de las poblaciones de ganado de leche estudiada (Zardowny y Kuhnlein, 1990; Osta, 1994). Escoda *et al.*, (1981) describieron frecuencias elevadas de la variante A en ganado Cebú ($n=0,90$) y Lara *et al.* (2002) encontraron frecuencias de 0,78 en ganado Pantaneiro.

En distintos estudios de caracterización de razas bovinas se ha observado que el alelo CASK^B presenta mayores frecuencias en razas originadas de *Bos taurus* que en las de

Bos indicus (Backer and Manwell, 1980, Golijow *et al.*, 1996, Del Lama y Zago, 1996, Tambasco, 1998, Kememes *et al.*, 1999, de Lama *et al.*, 2002). En las poblaciones cubanas analizadas aquí este alelo aparece con valores de 0,30 en Criollo y 0,22 en Siboney, las que se encuentran en el rango de 0,34 a 0,49 descrito para la mayoría de las razas *Bos taurus* y de 0,07 a 0,09 en razas *Bos indicus*.

En el ganado Cebú investigado hasta el momento predomina la variante A de esta proteína, con valores de frecuencia elevadas (0,84) (Escoda *et al.*, 1981), con lo que concuerdan nuestros resultados. Beja-Pereira *et al.* (2002) encontraron en ganado autóctono portugués el alelo CASK^A más frecuente en 8 de las 10 razas analizadas; en las razas Mirandesa y Marinhoa el alelo CASK^B mostró frecuencias de 0,75 y 0,95, respectivamente, lo cual atribuyen a la deriva genética dada por la dispersión geográfica de esos rebaños.

α -lactoalbúmina

Las frecuencias génicas observadas son intermedias en las tres razas (0,56 a 0,61, tabla 2). La frecuencia tan alta del alelo LAA^A ($n=0,39-0,44$) es un indicio de la presencia de genes *Bos indicus* (Eigel *et al.*, 1984), en la creación de nuestro ganado autóctono. El alelo LAA^A fue descrito como marcador racial en el cruce Cebú Cubano-Holstein Friesian por Pérez-Beato y Granada (1981). Se conoce que, aunque el Criollo proviene de animales de la especie *Bos taurus* introducidos en el continente en 1493, ha ocurrido el mestizaje del Criollo Cubano con el Cebú, fundamentalmente procedente de Jamaica, hecho que está evidenciado por la presencia del cromosoma sexual acrocéntrico característico de la especie *Bos indicus* (Sánchez *et al.*, 1977). Esta es una diferencia sustancial con el ganado autóctono español donde se ha descrito esta proteína como monomórfica para la variante B (Osta *et al.*, 1995). Igualmente, es una diferencia con otros ganados bovinos Criollo

del continente americano, pues se ha determinado con evidencias paleontológicas, evolutivas, bioquímicas, citogenéticas y moleculares que el Criollo Argentino no presenta esta característica propia del *Bos indicus*, lo que sugiere que la introgresión de dichas razas en el ganado argentino no tuvo una influencia importante en su constitución genética (Bouzat *et al.*, 1999). En el rebaño Siboney analizado, se detectó la presencia del alelo LAA^A, elemento lógico si tenemos en cuenta que esta raza es el resultado de sucesivos cruces que se han estabilizado en el 5/8 Holstein- 3/8 Cebú, y que en este último también encontramos el alelo LAA^A (n=0,40). Consideramos que este es un elemento típico que caracteriza y distingue nuestro ganado autóctono de las razas lecheras europeas que presumiblemente le dieron origen, evidenciando una vez más la presencia de genes *Bos indicus* en nuestras razas, por lo que se puede utilizar también la variante A de la α -lactoalbúmina como marcador racial para la caracterización del ganado cubano. Esto concuerda con el hecho de que en algunas de las razas explotadas en España, estudiadas por Osta en 1994, todos los animales presentaron el alelo LAA^B. Sin embargo, sólo dos animales incluidos en un test de comparación internacional promovido por la ISAG, mostraron variación como heterocigotos. Estos animales se correspondieron con la especie *Bos indicus*. En un estudio genómico de las proteínas de la leche, Threadgill y Womack en 1990, demostraron la presencia del alelo LAA^A como característica de los rebaños acebuados, y más específicamente en la raza Brahman asiática.

β -lactoglobulina

El alelo LGB^B de esta proteína aparece con frecuencias similares en los tres rebaños analizados (Siboney: 0,80, Cebú: 0,76 y Criollo: 0,70, tabla 2). En el caso del Criollo, estos valores fueron semejantes a los descritos por Pérez-Beato y Fernández (1981).

Similares han sido los resultados encontrados por otros autores en razas españolas, europeas y norteamericanas (Osta, 1994; Ng-Kwai-Hang *et al.*, 1990; Van Eenennaam y Medrano, 1991). También en poblaciones venezolanas (Escoda *et al.*, 1981) se describe el alelo LGB^B como el más frecuente de esta proteína en el ganado Cebú (n=0,93) y en siete de las 10 razas autóctonas portuguesas analizadas por Beja-Pereira *et al.*, (2002). Litwińczuk y Król (2002) encontraron más frecuentemente la variante B, pero en razas especializadas en la producción de carne (Hereford, 0,703 y Simmental, 0,621), solamente en la raza Limousin fue el LGB^A el alelo ligeramente más frecuente (n=0,650).

En el caso de esta proteína no es posible establecer diferencias entre razas de orígenes diferentes por no haber identificado en la literatura suficientes resultados que nos permitan evaluar la prevalencia de una variante u otra en ganado cebú.

Al realizar el análisis de los genes de las proteínas lácteas, Threadgill y Womack en 1990 encontraron que el alelo LGB^B (en homocigosis) apareció en todos los animales estudiados de las razas Jersey y Hereford, así como en el 50% de los animales de la raza Brahman.

Se debe tener en cuenta el aspecto importante a considerar de esta proteína, para su empleo como marcador para la mejora, debido al efecto que se le atribuye al alelo LGB^B sobre la calidad de la leche.

Diversidad genética de las proteínas lácteas en las poblaciones cubanas

Para los *loci* de las proteínas lácteas analizadas se ha estudiado un conjunto de parámetros como medida de la estructura genética de estas poblaciones. Los valores de heterocigosidades medias observada (Hobs) y esperada (Hesp), número medio de alelos (A), porcentaje de *loci* polimórficos ($P_{0.95}$) e índice de fijación (F): que se muestran en la tabla 3. En las tres razas se observan más individuos heterocigotos que los esperados

según las condiciones de equilibrio de Hardy-Weinberg, lo cual puede ser un indicio de la selección ejercida sobre los rebaños estudiados que originen índices de consanguinidad (F) con valores negativos; aunque estos no son significativamente diferentes de cero.

Cinco de los seis *loci* analizados resultaron ser polimórficos en las tres razas, aunque en el Cebú el porcentaje de *loci* polimórficos es inferior debido a que el *locus* α_{s1} -caseína presenta el alelo C prácticamente fijado. El número medio de alelos por *locus* coincide en los tres rebaños, sin que aparezcan alelos diferentes en ninguno de ellos. Esto se debe a que los métodos de detección de las variantes genéticas de las proteínas lácteas analizadas son específicos para la diferenciación entre dos alelos determinados, lo cual no permite la identificación de alelos raros.

Utilizando los valores de las frecuencias alélicas se determinaron las posibles desviaciones de las proporciones de Hardy-Weinberg, donde la mayoría de los

loci para las tres razas se encuentran en equilibrio. No obstante, el ganado Cebú analizado no está en equilibrio para el *locus* CASB ($P < 0,001$) con un exceso de homocigotos A. El Siboney aparece en desequilibrio para los *loci* LGB ($P < 0,05$) debido a un exceso de homocigotos B y LAA ($P < 0,001$) en el cual los individuos heterocigotos se encuentran en exceso. Estos resultados se confirman al analizar los valores de coeficientes F, donde coinciden los *loci* en desequilibrio (Tabla 4).

La falta de equilibrio en el rebaño Cebú Cubano en el *locus* β -caseína puede ser un elemento que confirme el efecto de la selección ejercida sobre algún alelo por estar relacionado con algún carácter productivo a favor del cual se esté seleccionando. Así, existe la posibilidad de que se haya incrementado la presencia de ciertos alelos que no sea posible detectar por el método empleado, y que estén afectando las condiciones del equilibrio en esta raza. En la raza Siboney se observa mayor número de

Tabla 3. Valores de heterocigosidades medias observada (Hobs) y esperada (Hesp), número medio de alelos (A), porcentaje de *loci* polimórficos ($P_{0,95}$) y coeficientes de fijación (FC) en tres razas bovinas cubanas para los *loci* de las proteínas lácteas.

	Cebú	Siboney	Criollo
Hobs	0,230 (0,100)	0,355 (0,103)	0,344 (0,086)
Hesp	0,211 (0,076)	0,340 (0,074)	0,334 (0,081)
A	1,8 (0,2)	1,8 (0,2)	1,8 (0,2)
$P_{0,95}$	66,7%	83,3%	83,3%
FC	-0,09	-0,04	-0,03

Tabla 4. Valores de coeficiente de consanguinidad por *locus*.

	Valores de F por <i>locus</i>		
	Cebú	Siboney	Criollo
CASA1	-0,042	0,019	-0,044
CASB	0,645***	0,018	0,109
CASK	0,053	-0,005	-0,126
LAA	-0,250	-0,529***	-0,032
LGB	-0,227	0,406**	-0,028

** $P < 0,05$.

*** $P < 0,001$.

loci en desequilibrio, donde las desviaciones pueden tener su origen en el hecho de que los animales son provenientes de un cruzamiento y que por los efectos de la selección natural hayan sobrevivido los individuos más resistentes y adaptados de la población, posiblemente los heterocigotos (Kidd *et al.*, 1980), insertado en esta población también se observan valores de heterocigosidades más elevados.

Conclusiones

En las poblaciones bovinas estudiadas existen alelos cuyas frecuencias génicas permiten establecer un patrón racial molecular, característico para cada una de ellas y que pueden ser utilizados como marcador de las razas provenientes de *B. indicus*. Consideramos que existe una alta variabilidad genética en el Criollo de Cuba, en el Cebú Cubano y el Sibonmey de Cuba, importante para el diseño y control de los programas nacionales de selección genética.

Lista de Referencias

- Aleandri R, L.G. Buttazzoni, J.C. Schneider, A. Carili & R. Davoli. 1990. The effects of milk protein polymorphism on milk components and cheese-producing ability. *J. Dairy Sci.* 73: 241-255.
- Barker, A.C.M. & C. Manwell. 1980. Chemical classification of cattle. I breed groups. *Anim. Blood Groups Biochem. Genet.* 11: 127-150.
- Beja-Pereira A., G. Erhardt, C. Matos, L. Gama & N. Ferrand. 2002. Evidence of the geographical cline of casein haplotypes in Portuguese cattle breeds. *Animal Genetics*, 33(4): 295.
- Bonvillani A.G, M.A. Di Renzo & I.N. Tiranti. 2000. Genetic polymorphism of milk protein loci in Argentinian Holstein cattle. *Genet. Mol. Biol.*, vol. 23, no. 4, 819-823. ISSN 1415-4757
- Bouchard D. 1998. QTL detection with genetic markers in dairy cattle: a review. Proc. 49th annual Meeting of the European Association for Animal Production. Warsaw. Poland.
- Bouzat J.L., G. Giovambattista, C.D. Golijow, F.N. Dulout & M.M. Lojo. 1999. Conservation genetics of native breeds: the Argentine Creole Cattle. *Interciencia* 23: 151-157.
- Del Lama S.N. & M.A. Zago. 1996. Identification of κ -casein and β -lactoglobulin genotypes in Brazilian *Bos indicus* and *Bubalus bubalis* population. *Braz. J. Genet* 19: 73-77.
- Eigel W.N, J.E Butler, C.A. Erstrom, H.M. Farrel, V.R. Harwalker, R. Jenness & R. Whitney. 1984. Nomenclature of protein of cow's milk: fifth revision. *J. Dairy Sci.* 67: 1599-1631.
- Erhardt G. 1996. Detection of a new κ -casein variant in milk of Pinzgauer cattle. *Anim. Genet.*, 27: 105-107.
- Erhardt G. 1993. A new α_{s1} -casein allele in bovine milk and its occurrence in different breeds. *Anim. Genet.* 24: 65-66.
- Escoda A.B, L.O. Alvarez & S. Yerez. 1981. Estudio de los polimorfismos genéticos de las proteínas de la leche producida en algunas haciendas de la zona de Carora. *Rev. Facultad Agronomía (LUZ)*, 6(2): 714-716.
- Fernández M.H. 1980. Asociación de los genotipos de amilasa con dos caracteres de importancia económica en vacas R_1 (Holstein-Cebú-Cebú), *Revta. Cub. Cienc. Veter.* 155-160.
- Golijow C.D., G. Giovambattista, M.V.R. Poli, F.N. Dulot & M.M. Lojo. 1999. Genetic variability and population structure in loci related to milk production traits in native Argentine Creole and Commercial Argentine Holstein cattle. *Braz. J. Genet*, 22: 395-398.

- Grosclaude F., M.F. Mahé, J.C. Mercier, J. Bonnemaire & J.H. Teissier.** 1976. Polymorphisme des lactoprotéines de Bovinés Népalais. II. Polymorphisme des caséines "as-mineures"; le locus as2-Cn est-il lié aux loci as1-Cn, b-Cn et k-Cn? *Annales de Génétique et de Sélection Animale*, 8, 481-491.
- Grosclaude F.** 1988. Le polymorphisme génétique des principales lactoprotéines bovines. Relation avec la quantité, la composition et les aptitudes fromagères du lait. *Inra Prod. Anim.* 1(1): 5-17.
- Gutiérrez M., O. Pérez-Beato, M. Morais & M. Milanés.** 1989. Características adaptativas de vacas Criollo de Cuba. *Rev. Salud Anim.* 11(2): 155-160.
- Ikonen T., O. Ruottinen, G. Erhardt & M. Ojala.** 1996. Allele frequencies of the major milk protein in the Finish Ayrshire and detection of a new κ -casein variant. *Anim. Genet.*, 27, 179-181.
- Jacob E. & Z. Puhán.** 1992. Technological properties of milk as influenced by genetic polymorphism of milk proteins. A review. *Int. Dairy Journal.* 2: 157-178.
- Kememes P.A., L.C.A. Reginato, A.J.M. Rosa, I.V. Parker, G.A. Razook, L.A. Figueredo, N.A. Silva, M.A.L. Etchegaray & L.L. Coutinho.** 1999. κ -casein, β -Lactoglobulin and growth hormone allele frequencies and genetic distances in Nelore, Gyr, Guzará, Camcu, Charolais, Canchin an Santa Gertrudis cattle. *Genet. Mol. Biol.* 22: 539-541.
- Kidd K.K., W. H. Stone, C. Crimella, M. Carezzi, M. Casati & G. Rognoni.** 1980. Immunogenetic and population genetic analyses of Iberian cattle. *Anim Blood Groups Biochem Genet.*, 11(1): 21-38.
- Lara M.A.C, L.T. Gama, G. Bufarah, J.R.B. Sereno, E.M.L. Celegato & U.P. de Abreu.** 2002. Genetic polymorphism at the κ -casein locus in Panteneiro cattle. *Arch. Zootec.* 51: 99-105.
- Lien S., S. Kaminski, P. Alestrom & S. Rogne.** 1993. A simple and powerful method for linkage analysis by amplification of DNA from single sperm cell. *Genomics*, 16(1): 41-44.
- Litwińczuk Z & J. Król.** 2002. Polymorphism of main milk proteins in beef cattle maintained in East-Central Poland. *Animal Science Papers and Report*, Vol 20 (suppl. 1): 33-40.
- Medrano J.F. & L. Sharrow.** 1991. Genotyping of bovine β -casein loci by restriction site modification of polymerase chain reaction (PCR) amplified genomic DNA. *J. Dairy Sci.*, 74 (suppl), 282.
- Medrano J.F. & E. Aguilar-Córdova.** 1990. Polymerase chain reaction amplification of bovine β -Lg genomic sequences and identification of genetic variants by RFLP analysis. *Animal Biotechnology*, 1(1): 73-77.
- Ng-Kwai-Hang K.F., A.G. Monardes & J.F. Hayes.** 1990. Association between genetic polymorphism of milk protein and production traits during three lactations. *J. Dairy Sci.*, 73: 3414-3420.
- Osta R.** 1994. Caracterización genética de proteínas lácteas y sexaje de embriones en ganado vacuno mediante la aplicación de la biotecnología al análisis del DNA. Tesis Doctoral, Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, España.
- Osta R., S. Marcos, I. Martín, E. García-Muro & P. Zaragoza.** 1995. Caracterización genética de proteínas lácteas en ganado vacuno mediante análisis de DNA. VI Jornadas sobre producción animal. Vol. Extra, N°16, Tomo I.
- Pérez-Beato O. & A. Granado.** 1982. El alelo α -La^A como marcador genético en el cruce Cebú Cubano- Holstein Friesian. *Rev. Salud Animal*, 4(1): 145-148.

- Pérez-Beato O. & M.H. Fernández.** 1981. Distancia genética y heterocigosis en ganado tropical. Reporte preliminar. Rev. Salud Anim. 3(2): 161-168.
- Rahali V. & J.L. Menard.** 1991. Influence des variants genetiques de la lactoglobuline et de la κ -caseine sur la composition du lait et son aptitude fromagere. Lait 71: 275-297.
- Ripoli, MV., G. Giovambattista, J.C. De Luca, F. Labarta, J. Echenique, S. Casas, E. Carrizo, M. Sanchez Mera & F.N. Duluot.** 1999. Formación de un plantel base de ganado bovino criollo argentino para la producción lechera. Efecto sobre las frecuencias génicas de los loci de la κ -caseína, α_{s1} -caseína y prolactina. Arch Zootec. 48(181): 101-106.
- Rodriguez-Zas S.L., B.R. Southey, D.W. Heyen & H.A. Lewin.** 2002 Detection of quantitative trait loci influencing dairy traits using a model for longitudinal data, J. Dairy Sci. 85: 2681-2691
- Sánchez A., A. Betancourt & C. Gutiérrez.** 1977. Cromosomas del ganado Criollo. Congreso Panamericano de Veterinaria y Zoonosis. Colombia.
- Sartore G. & I. Stasio.** 1984. Prospects for the selection of dairy cattle on the basis of frequencies of specific genetic variants. Industria del latte, 20: 55-56.
- Swofford D.L & R.B. Selander.** 1989. BIOSYS-1. A computer program for the analysis of allelic variation in population genetics and biochemical systematic. Release 1.7. Champaign, IL, Illinois Natural History Survey.
- Tambasco M.D.** 1998. Detecao de polymorphism dos genes de κ -casina, β -lactoglobulina em animais da raca Jersey. Monografia: Universidad Federal de Sao Carlos. S.P.
- Threadgill D.W & J.E. Womack.** 1990. Genomic analysis of the major bovine milk protein genes. Nucl. Acid Research, 18, 6935-6942.
- Uffo O. & S. Martínez.** 2002. Amplificación por PCR de los genes que codifican para la α -lactoalbúmina β -lactoglobulina y la κ -caseína bovinas en una recordista y parte de su descendencia Rev. Salud Animal 24(1): 22-26
- Van Eenennaam A.L. & J.F. Medrano.** 1991. Differences in allelic protein expression in milk of heterozygous κ -casein cows. J. Dairy Sci., 74: 1491-1496.
- Veli E., E. Rivas, V. Rivas, M. Verastegui & S. Pastor.** 2004, Evaluacion de la variabilidad de genes de kappa caseina en poblaciones de bovinos criollos de ticlos y huaschao, región ancash online en: [www.inia.gob.pe/genetica/zoogeneticos/Articulo V Congreso.pdf](http://www.inia.gob.pe/genetica/zoogeneticos/Articulo_V_Congreso.pdf)
- Zardowny D & U. Kühnlein.** 1990. The identification of the κ -casein genotype in Holstein dairy cattle using the polymerase chain reaction. Theor. Appl. Genet., 80: 631-634.

Krishna Valley cattle in India: status, characteristics and utility

S.M.K. Karthickeyan, R. Saravanan & P. Thangaraju

Department of Animal Genetics and Breeding, Madras Veterinary College,
Chennai 600 007, Tamil Nadu, India

Summary

The Krishna Valley breed of cattle is a draught breed able to withstand extremely hot, humid climatic conditions and which has the capacity to undertake heavy work in the black cotton soil in the valleys of the Krishna river in India. Their home tract is restricted to a few *taluks* (divisions within a district) of the northern parts of Karnataka. The distinguishing morphological features of the breed are the presence of a black-coloured muzzle and black shades dispersed over the body with the lower half of the scrotum also being black in colour. The average values for height, body length and chest girth are 116.4±1.2, 128.4±2.0 and 144.7±2.0 cm in cows; and 150.5±0.5, 146.0±3.0 and 191.0±1.0 cm in bullocks, respectively. The cytogenetic investigation revealed the normal characteristics of cattle chromosomes (2n=60). The microsatellite alleles occurred at frequencies of 0.0208 (ILSTS005) to 0.7604 (ETH152) with the polymorphism information content (PIC) values in the range of 0.3856 (ETH152) to 0.7725 (ILSTS034). The breed has a relatively long productive life as the number of calvings can go up to twelve. As the number of animals of this breed remaining is only in the order of a few hundred, conservation measures are to be taken to avoid the extinction of this valuable germplasm.

Resumen

La raza bovina Krishna Valley es una raza de animal de tiro que se enfrenta con

condiciones climáticas extremas de calor y humedad y posee la capacidad de trabajar bien sobre el suelo de algodón negro de los valles del río Krishna en la India. La zona de procedencia se restringe a algunos *taluks* (subdivisión dentro de un distrito) en la zona norte de Karnataka. Los principales rasgos morfológicos de la raza son la presencia de bozal negro y estrías negras sobre el cuerpo con la mitad inferior del escroto negro. La media de los valores de altura, longitud corporal, y circunferencia en las vacas han sido de 116,4±1,2, 128,4±2,0 y 144,7±2,0 cm; y de 150,5±0,5, 146,0±3,0 y 191,0±1,0 cm en machos. La investigación citogenética muestra características normales en los cromosomas bovinos (2n=60). Los alelos de microsatélites están presentes en frecuencias de 0,0208 (ILSTS005) hasta 0,7604 (ETH152) con valores de información contenida de polimorfismo (PIC) entre 0,3856 (ETH152) y 0,7725 (ILSTS034). La raza posee una vida productiva larga ya que el número de partos puede llegar a doce. Teniendo en cuenta que el número total de animales de esta raza es tan solo de unos centenares, las medidas de conservación se hacen necesarias para evitar la extinción de este valioso germoplasma.

Keywords: Krishna Valley cattle, Characters, Conservation, Performance, Karyotype.

Introduction

The Krishna Valley breed of cattle is well known for its draught qualities and is used exclusively in the black cotton soil in the valleys of the river Krishna. It was also reported to be present in adjacent river areas

such as Ghataprabha and Malaprabha in the Karnataka and Maharashtra states in India (Anonymous, 1926). The breed was distributed in the districts of Satara, Sangali and Solapur in the Maharashtra and Belgaum, Bijapur and Raichur districts of Karnataka (Nivsarkar *et al.*, 2000). But a pilot survey conducted recently by Ramesha *et al.* (2001) indicated a shift in the breeding tract of this breed from Maharashtra and Karnataka to northern Karnataka alone. Only a few hundred true to type animals are now found in and around the villages of the Jamkhandi, Mudhol and Athani *taluks* (divisions within a district) of northern Karnataka. With the background described, this paper demonstrates the importance of the breed in the black cotton soil, its characteristics with regard to physical, cytogenetic and molecular markers and its population status with respect to conservation measures required for the breed.

Origin and History

During the last two decades of the nineteenth century, some of the kings of the Southern Mahratta country (which lies in the watershed areas of the rivers Krishna, Ghatapabha and Malaprabha), tried to evolve a powerful bullock for agricultural purposes for use in the sticky black cotton soil (Joshi and Phillips, 1953). According to Singh and Singh (1936), Ongole cattle were undoubtedly the breed, which played the most prominent role in the evolution of Krishna Valley cattle. It was claimed that Gir and possibly Kankrej cattle from Gujarat state, Ongole cattle from Madras Province (now the areas in Andhra Pradesh state) and local cattle having Mysore-type blood were used to evolve the Krishna Valley breed. The king of Sangli, at one time a well-known breeder of Krishna Valley cattle, contributed substantially in making judicious use of all these strains to produce the desired type of animal. Though there was a wide variation in the characteristics, the massive size of the

resulting animals was the chief dominating factor which attracted the attention of the cultivators.

Breeding Tract and Status

Ramesha *et al.* (2001) in their survey reported that the breeding tract of this breed was restricted to a few villages of the Jamkhandi, Mudhol and Athani taluks of northern Karnataka. In a recent visit made by the authors during February 2005, less than fifty animals were found in and around the villages of Jamkhandi in Bagalkod district (a part of the breeding tract). This finding is in agreement with Ramesha *et al.* (2001) who found only a few hundred animals in the entire breeding tract. The animals of this type were also scattered scarcely in other taluks such as Mudhool, Bilagi, Bagalkod and Badami of Bagalkod districts. Good specimens of Krishna Valley cattle are available in Mudurakhandi, Kallolli and Savalagi villages in Jamkhandi taluk.

The marked decline in the number of Krishna Valley cattle marks a critical and alarming situation, which is evidenced by the shrinking size of the breeding tract and confinement of these animals to only a few regions of northern Karnataka. One of the main reasons for this is the lack of availability of breeding Krishna Valley bulls resulting from the preference of farmers for the Khillari breed of cattle which is more attractive and also massive in appearance. Not much effort had been made to preserve the Krishna Valley draught breed. The other possible reason could be the mechanization of agricultural operations in a few areas. Furthermore, most of the farmers had started selling their Krishna Valley animals due to a continuous drought prevailing in the tract. But few doses of semen samples have been preserved in the Semen Bank in Hassarghatta, Bangalore, in the National Dairy Research Institute, in Adegodi (Figure 1), and in Bangalore and Central Semen Collection Centre, in Dharwad in Karnataka state.



Figure 1. Krishna Valley bullock which was used as a bull for collection of semen and subsequently castrated.



Figure 2. Krishna Valley animals maintained in a Goshala (a non-governmental organization).

The herd size of Krishna Valley cattle found in villages ranges from one to three. The Krishna Valley animals are not maintained *in situ* in any government organizations or livestock farms. The Indian Council of Agricultural Research (ICAR) has recently taken steps to conserve the Krishna Valley germplasm through the National Bureau of Animal Genetic Resources in Karnal, Haryana. Interestingly, in one of the Goshalas (non-governmental organizations maintaining different breeds of livestock in India) situated in Bangalore, more than 25 Krishna Valley cattle are maintained and are effectively acting as the real conservation centre (Figure 2). The breeding of the cattle is carried out through artificial insemination with semen of the same breed; but no genetic improvement measures are undertaken for Krishna Valley cattle.

Ecological Settings

The home tract of Krishna Valley cattle is the plateau east of the Western Ghats. The tract

extends over an area lying between latitudes 15°8' and 17°8' N and longitudes 74° and 78° E (Ramesha *et al.*, 2001). The altitude ranges from 1800 to 2500 feet above mean sea level (MSL). The soils of the area fall into three categories *viz.* red soils in the hills, widely distributed and highly fertile black soils and light gray soils.

In general, the climate is dry. The cold and dry season lasts from the middle of October to the middle of February. The summer season extends from February to June. During the months of April and May, it is considerably hotter. The rainy season usually occurs from June to the middle of October. The annual rainfall ranges from 30 to 50 inches.

Land Holding and Agriculture

The land holding capacity of the farmers ranges from two to ten acres and some farmers do not use the land for agriculture. Canal irrigation is employed in most places and some areas are rain fed and make use of



Figure 3. Krishna Valley cow.

bore well irrigation. Among the agricultural crops grown in the area, wheat is the major crop followed by the others such as sorghum, sugarcane, sunflower, cotton, turmeric and maize. Banana plantations can also be found in the breeding tract of Krishna Valley cattle.

Morphological Characters

The morphological characters are quite varied among individuals, as the breed is a mixture of three distinct breed types *viz.*, Gir, Ongole and the local cattle of the Mysore type. However, certain distinct characteristics can be observed among the animals of this breed which distinguish them from other breeds. The coat color in calves is generally greyish white, although a few dark gray-colored calves are also present. The adult animals are also greyish white in color (Figure 3), usually with darker shades on the fore- and hindquarters in males. The cows of Krishna Valley breed are light gray in color, but sometimes brown-coloured and black and white-colored females are also seen. The

face of the breed is narrow. The forehead is wide and concave. The muzzle is always black in color this being one of the distinguishing features of Krishna Valley cattle. The eyes are wider and the eyelids black in colour. The ears are short, erect, horizontal and pointed, but not drooping. The head is surmounted by short, slate-coloured, curved horns usually emerging in an outward direction from the outer angles of the poll and slightly upwards and then inwards with a mild twist. The tip of the horns is generally blunt. The neck is short and thick giving a massive appearance. The dewlap is pendulous and well developed.

The Krishna Valley is a medium-sized animal with a short body having a moderate hump. The hump in bulls and bullocks is large and black in colour. The barrel is large and well developed (Figure 4). The chest is wide with a well-sprung rib cage which is deep and capacious. The sheath is pendulous in males and the lower half of the scrotum is characteristically black in colour. The udder in the female is medium-sized with short teats and fore teats are longer than hind. The



Figure 4. A pair of Krishna Valley bullocks-ploughing the agricultural field.



Figure 5. Krishna Valley male youngstock with typical light grey-coloured coat and short ears.

tail is long, fine and tapering, extending to the hock joint with the switch being black in colour. The legs are short, thick, muscular and powerful. Black-coloured markings can be found in front of the knee joint and a black coloured patch can also be seen near the fetlock and pastern regions (Figure 5). The bullocks are powerfully built for hauling heavy loads of agricultural produce.

In general, the Krishna Valley is quite distinguishable from other breeds of cattle in South India with their typical horn pattern, characteristically black-colored scrotum and muzzle and black patches over the knee and fetlock joints.

Body Measurements

Body measurements were taken from 44 animals in the breeding tract. The mean and standard error of various body measurements of the Krishna Valley calves,

young stock and adult animals are shown in table 1.

The values are in a slightly higher range than those noticed by Ramesha *et al.* (2001) who estimated the height, body length and heart girth in Krishna Valley cattle as 106.96, 113.20 and 136.96 cm in cows and 121.4, 129.4 and 144.8 cm in bulls respectively. Other characteristics of the horn such as spread at mid-point, distance between tips and horn circumference at base varied between cows and bullocks indicating the variation existing in the orientation of the horns. The thickness of the skin (single-fold) was found to be 3.9 ± 0.3 mm in cows and 7.1 mm in bullocks.

Performance Characteristics

Reproduction

Krishna Valley cows have a relatively long productive life as demonstrated by cows

Table 1. Mean \pm S.E. of various body measurements (cm) of Krishna Valley breed of cattle.

Age groups	Height	Body length	Heart girth	Face length	Face width	Ear length	Tail length	Horn			Skin thickness (mm)
								Length	Spread at mid-point	Distance between tips	
Calves (0-6 month)	78.0 \pm 4.5 (6)	78.3 \pm 7.2 (6)	87.5 \pm 7.2 (6)	28.8 \pm 3.1 (6)	12.9 \pm 0.9 (6)	13.4 \pm 0.5 (5)	54.0 \pm 5.3 (6)	-	-	-	2.4 \pm 0.3 (5)
Calves (7-12 month)	102.6 \pm 2.9 (5)	108.0 \pm 4.6 (5)	116 \pm 4.3 (5)	38.4 \pm 1.9 (5)	14.6 \pm 0.5 (5)	15.0 \pm 0.0 (1)	83.5 \pm 2.8 (4)	-	-	-	2.5 \pm 0.2 (3)
Young stock (1½ - 3 year)	104.6 \pm 3.4 (11)	112.8 \pm 2.1 (11)	129.3 \pm 3.4 (11)	40.5 \pm 0.6 (11)	16.1 \pm 0.4 (11)	94.7 \pm 1.6 (9)	16.6 \pm 0.2 (9)	-	-	-	3.5 \pm 0.2 (10)
Cows	116.4 \pm 1.2 (20)	128.4 \pm 2.0 (19)	144.7 \pm 2.0 (19)	44.9 \pm 0.7 (19)	17.2 \pm 0.3 (19)	102.8 \pm 2.5 (18)	17.9 \pm 0.3 (13)	38.8 \pm 1.4 (8)	23.4 \pm 1.5 (8)	20.8 \pm 4.8 (8)	17.4 \pm 0.6 (7)
Bullocks	150.5 \pm 0.5 (2)	146.0 \pm 3.0 (2)	191.0 \pm 1.0 (2)	53.5 \pm 1.5 (2)	22.00 \pm 0.0 (2)	19.0 \pm 0.0 (2)	121.5 \pm 0.5 (2)	35.0 \pm 12.0 (2)	28.0 \pm 4.0 (2)	35.0 \pm 2.1 (2)	22.5 \pm 0.5 (2)

Figures in parentheses are the number of observations.

with more than nine calvings being found in the villages. They were also reported to have had twelve calvings from a single cow during her life time. According to Ramesha *et al.* (2001), there were regular calvers with an inter-calving period of 13 to 14 months.

The age at first estrus was reported to be between three and three and a half years and the age at first calving was from four to four and a half years. The lactation period varied from five to eight months. No twinning was reported in this breed. Other reproductive problems such as dystochia, retained placenta, abortions and stillbirths have not been reported in the breed.

Production

The milk yields of Krishna Valley cows are not particularly high as they are mainly used for their draught qualities, but the average daily milk yield was 3.17 ± 0.53 kg (n=12) as reported by farmers with the minimum yield of 1.5 kg to a maximum of 8 kg.

Utility

The breed is well adapted to suit the extremely hot, humid climate prevailing in the breeding tract and has the distinct quality of pronounced pulling power. As a result it is used for ploughing in black cotton soil, carting and sugarcane hauling. The bullocks are able to perform hard work in black cotton soil for a relatively long period, *i.e.* between 10 am and 5 pm with only a single break. Ramesha *et al.* (2001) reported that a pair of bullocks could carry loads of up to two tonnes over shorter distances and one tonne over longer distances for up to eight to ten hours a day at a speed of 4 km per hour. As the females produce less milk, sometimes they are also used for ploughing and carting. Because of their adaptability and high tolerance for strenuous work, the breed is suitable for profitable use in remote areas where transportation and mechanization facilities are unavailable.

Since these animals have a medium-sized body and short and powerful legs, they are best suited for ploughing inside the vineyards and carting heavy loads of sugarcane in the hard, marshy, black cotton soil during rainy seasons.

Husbandry Practices

Breeding

The majority of the cows of this breed were run with local bulls and a few with Khillari breed bulls. In the breeding tract, only natural service was practiced and there was no supply of frozen semen from the Krishna Valley breed for use in artificial insemination. In addition the local farmers also did not favour using the breed. At present, no Krishna Valley bull is available in the villages for the farmers to service their cows, but artificial insemination with Khillari semen is done through local veterinary dispensaries and hospitals, as per the desire of the farmers.

Feeding

Usually the female calves are allowed to suckle up to two to three months of age, while male calves may suckle for up to five to six months. After two to three months of age, the calves are hand-fed with green fodder and after five months, they are sent for grazing. The animals are sent out around 8 am for grazing and remain in the grazing area until 5 pm in the evening. A few farmers feed their cows with two kilograms of concentrate mixture. The bullocks are well cared for by the farmers. Wheat bran, sugarcane tops, sunflower oil cake, carrot leaves and other agricultural by-products from maize, sorghum and other crops are fed to the animals. Apart from this, the local grasses from the banks of the river belts are the grazing source for these animals. Efforts had been made by the Department of Animal Husbandry towards fodder

development through the supply of NB-21 (Napier x Bajra hybrid).

Other practices

The males are castrated when they attain three years of age, using a locally made wooden castrator, and after one year, they are trained for carting and other work. Temperamentally, the males of Krishna Valley are vicious and difficult to control. Though the Krishna Valley is a draught breed, twice daily milking is carried out by the farmers at 6 to 7 am in the morning and 6 to 7 pm in the evening.

The breed does not have any cultural relationship with the local people, but during the Karunmae Pournima festival, these animals are accorded special ritual attention. There are two other important festivals to note, these being the Ugadhi, Maha

Shivaratri (Babaladhi festival) during February and March and Shiva Jayanthi which takes place in May. The animals are brought to the shandies (seasonal market) and kept for sale. During these festivals, a livestock fair is conducted and good specimens are also awarded prizes. One such pair of Krishna Valley bullocks which claimed the best bullock award for the past three years consecutively is shown in Figure 6. The Krishna Valley breed is hardy and well adapted to the local climatic conditions.

Karyology

Blood samples were collected from a total of 12 animals including five males and seven females and subjected to short-term lymphocyte culture using standard protocol. About 20 complete metaphase plates were



Figure 6. A pair of Krishna Valley bullocks won the best animal award consequently for 3 years in livestock fair (also seen darker shades over the body, legs and lower half of the scrotum and typical horns).

examined from each animal and the diploid chromosome number was found to be 60 ($2n=60$) in the Krishna Valley breed of cattle. All the chromosomes were acrocentric except the X chromosome which was the largest metacentric, confirming the normal characteristics of cattle chromosomes. The metaphase chromosome spread and its karyotype have been presented in figures 7 and 8.

Microsatellite Markers

The molecular characterization was carried out in a sample of 50 unrelated Krishna Valley cattle in the breeding tract using five different microsatellite (ILSTS005, ILSTS054, ETH152, ETH225, and HEL001) markers as suggested by the FAO (1996). The PCR (Polymerase Chain Reaction) amplified products were resolved through a 6% denaturing polyacrylamide gel and sizing was done using the 10 bp DNA ladder

marker. The Krishna Valley cattle revealed an average allele number of 4.4 out of 5 microsatellite loci screened. The number, size and frequency of alleles, polymorphic information content (PIC) and expected heterozygosity of microsatellite loci in Krishna Valley breed of cattle are presented in table 2. Representative gels stained with silver nitrate bearing the microsatellite alleles (bands) are shown in figure 9. These microsatellite alleles occurred at frequencies of 0.0116 (ILSTS054) to 0.7660 (ETH152). The polymorphism information content (PIC) values were in the range of 0.3722 (ETH152) to 0.6954 (ILSTS005). The overall mean for expected heterozygosity was found to be 0.6516.

Conclusion

The Krishna Valley breed is a medium-sized draught breed and performs well exclusively in black cotton soil areas where other breeds

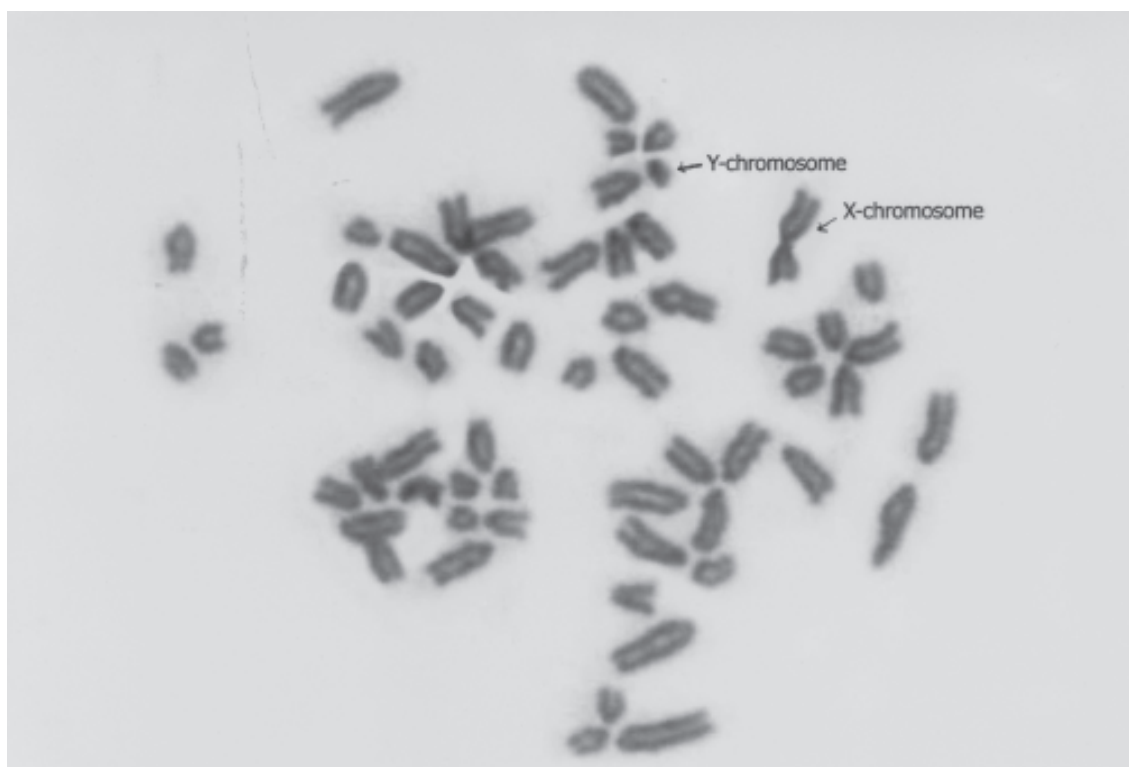


Figure 7. Metaphase chromosome spread of Krishna Valley bull ($2n=60$, XY).

Table 2. Allele number, size & frequency, polymorphic information content (PIC) and heterozygosity of microsatellite loci in Krishna Valley breed.

Sl.no.	Locus	No. of allele	Allele size (bp) and frequency				Polymorphism information content	Expected heterozygosity (Nei's, 1973)
1.	ILSTS005	4	182	186	190	194	0.6954	0.7433
			0.2396	0.1875	0.2917	0.2812		
2.	ILSTS054	6	132	138	140	144	0.6795	0.7182
			0.1977	0.1163	0.0116	0.1744	0.4419	0.0581
3.	ETH152	4	194	200	204	208	0.3722	0.3945
			0.7660	0.0745	0.0957	0.0638		
4.	ETH225	4	146	152	154	160	0.6668	0.7193
			0.2326	0.1163	0.3023	0.3488		
5.	HEL001	4	100	106	108	110	0.6265	0.6827
			0.1778	0.3000	0.4333	0.0889		

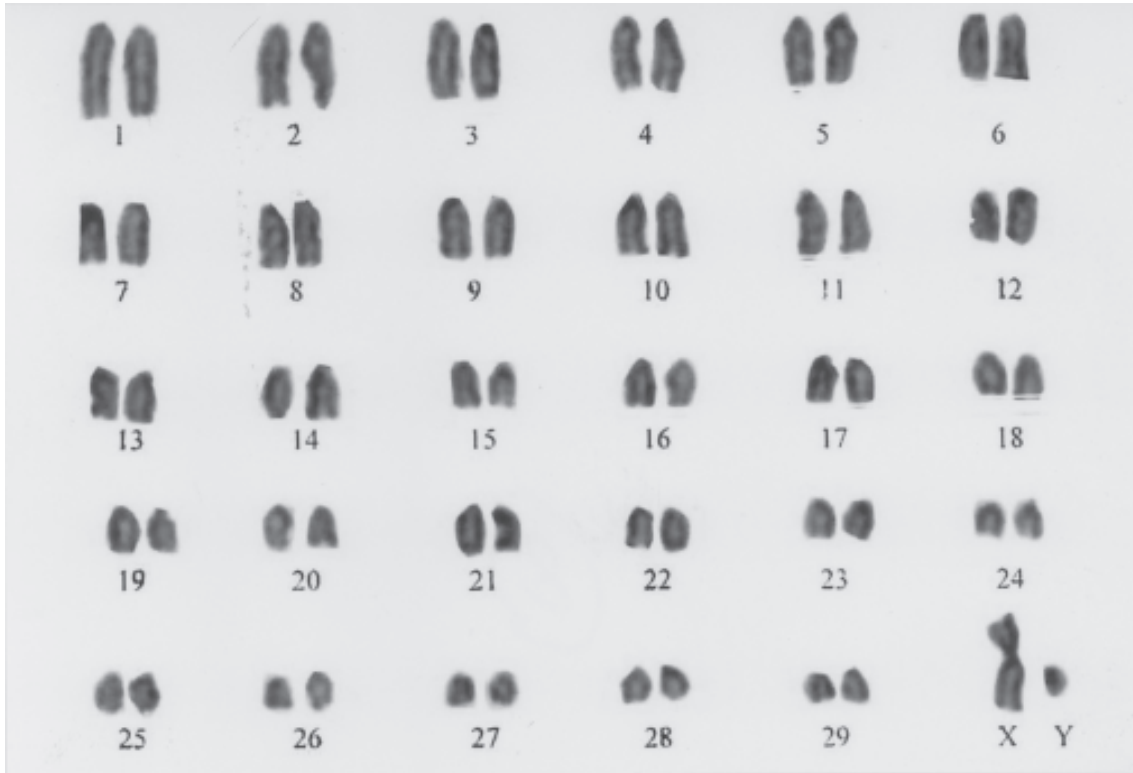


Figure 8. Karyotype of Krishna Valley bull.

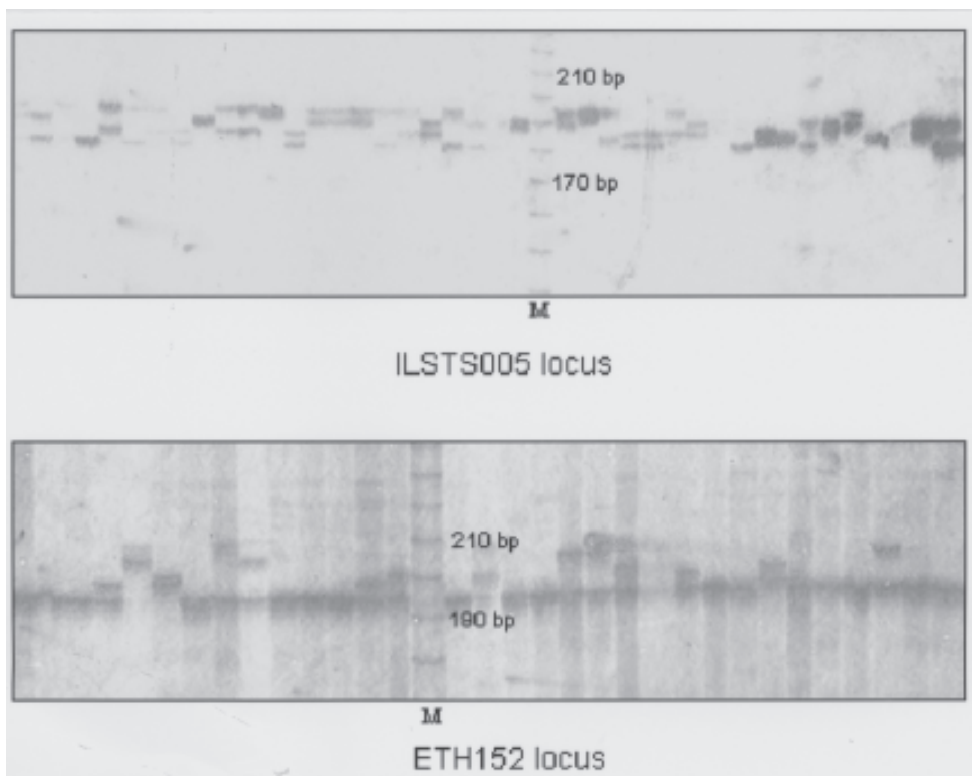


Figure 9. Microsatellite alleles (bp) on silver-stained polyacrylamide gel in Krishna Valley cattle.

do not. The animals appear to have a relatively long productive life of up to 12 calvings and are able to thrive well in hot climatic conditions. However the status of the population is very alarming and it requires immediate attention to develop and implement a conservation strategy. Without such an intervention the breed is likely to become extinct within a few years.

Acknowledgements

The authors are grateful to Dr. M.K.Rao and Dr. A.Obi Reddy, Southern Regional Station, National Dairy Research Institute, Bangalore, 560 030 for the help rendered in carrying out the study.

List of References

- Anonymous.** 1926. The Krishna Valley Breed. Breeds of Cattle in Bombay Presidency. Leaflet No. 15. Department of Agriculture, Poona, Bombay, India, (cited in Ramesha *et al.*, 2001).
- FAO.** 1996. Global Projects for the Maintenance of Domestic Animal Genetic Diversity (MoDAD). <www.fao.org/dad-is/> FAO, Rome, (Accessed on 9th September, 2004)
- Nivsarkar A.E., P.K. Vij, & M.S. Tantia.** 2000. Animal Genetic Resources of India Cattle and Buffaloes. Indian Council of Agricultural Research, New Delhi, India, (cited in Ramesha *et al.*, 2001).
- Ramesha K.P., A. Obi Reddy, M.K. Rao & B.V. Baskar.** 2001. Characterization of Krishna Valley breed of cattle. In: Indigenous Cattle and their Role in the New Millennium. Seminar, Workshop and Cattle Show, Erode, Tamil Nadu, India. March 24-25, 2001, pp. KA11-14.
- Joshi N.R. & R.W. Philips.** 1953. Zebu Cattle of India and Pakistan. FAO Agriculture Studies, No. 19, Food and Agriculture Organization, Rome, Italy, pp. 256.
- Singh I. & H. Singh.** 1936. A Survey of the Breeds of Cattle in India. Lahore Bookshop, Lahore. (cited in Ramesha *et al.*, 2001).

Caractérisation morphologique des petits ruminants (ovins et caprins) de race locale "Mossi" au Burkina Faso

A. Traoré¹, H.H. Tamboura¹, A. Kaboré¹, N. Yaméogo¹, B. Bayala^{1,3} & I. Zaré²

¹Institut de l'Environnement et de Recherches Agricoles (INERA),
04 BP 8645 Ouagadougou 04, Burkina Faso

²Ecole Nationale de l'Elevage et de la Santé Animale (ENESA),
01 BP 7192 Ouagadougou 01, Burkina Faso

³Unité de Formation et de Recherches/Science de la Vie et de la Terre,
Université de Ouagadougou, 03 BP 7021 Ouagadougou 03, Burkina Faso

Résumé

Cette étude a été menée dans les élevages périurbains et au niveau des marchés à bétail de Ouagadougou avec pour objectif de caractériser sur le plan phénotypique les petits ruminants de race locale "Mossi". 314 animaux (202 ovins et 112 caprins) repartis chez 25 producteurs ont été concernés. Les mesures corporelles suivantes ont été effectuées: le poids vif (PV), le périmètre thoracique (PT), la hauteur au garrot (HG), la hauteur à la croupe (HC) et la longueur de la diagonale du corps (LDC). Ont été également enregistrées la présence ou non de cornes, de barbe, la couleur de la robe (blanc, noir, noir et blanc, brun, blanc-brun) et la structure du poil (ras et dur, ras et lisse, long et dur, long et lisse).

Les résultats ont mis en évidence entre les variables corporelles mesurées, des différences liées au sexe en fonction de l'âge. Les ovins locaux de type "Mossi" sont eumétriques avec un PV moyen à l'âge adulte de 23,3±5,0 kg et une HG de 59,3±5,5 cm. Chez les caprins, le PV moyen est de 20,2±4,5 kg et la HG est de 48,4±4,1 cm.

Ce sont des types génétiques à robes multicolores avec cependant une prédominance de la couleur "noir et blanc" chez les ovins, "blanc-brun" chez les caprins. Le poil est généralement "ras et dur" chez les ovins et "ras et lisse" chez les caprins. Le

port des oreilles est "dressé et court" chez les caprins et "tombant et court" chez les ovins.

La grande variabilité notée pour la couleur de la robe et le PV chez les individus de ces races indique de grandes possibilités d'amélioration génétique par sélection.

Summary

This study was conducted in peri-urban flocks and in livestock markets around Ouagadougou in order to collect data on the morphologic characteristics of the small ruminant local breed known as "Mossi". Three hundred and fourteen animals (202 sheep and 112 goats) belonging to 25 owners were studied. The morphological parameters measured included body weight, heart girth, height at withers, rump height and diagonal body length. Also recorded were the presence or not of horns, wattles and beards, fleece colours (white, black, black and white, brown, brown and white) and hair structure (short and coarse; long and coarse; short and smooth; long and smooth).

The results showed age-dependant sexual differences in the body dimensions measured. Indigenous small ruminants can be classified as medium sized if they have a mean body weight of 23.3±5.0 kg and a mean heart girth of 59.3±5.6 cm for sheep. For goats, mean body weight should be

20.2±4.6 kg and mean heart girth, 48.4±4.1 cm. With reference to fleece colour, they can be classified as multicoloured, being predominantly black and white for sheep and brown and white for goats. Hair structure is generally short and coarse with short lopping ears in sheep, and short and smooth with dressed short ears in goats.

The apparently wide range of animal colours and mean body weights observed in this study is indicative of the breeds and indicates great potential for selection for improvement within these breeds.

Mots clés: Ovins, Caprins, Génétique, PV, PT, HG, HC, LDC, Robe.

Introduction

Le Burkina Faso est un pays soudano-sahélien dont l'économie est basée principalement sur les cultures et les produits de l'élevage. Ces deux spéculations représentent l'essentiel des activités socio-économiques de la population. En effet, l'agriculture emploie plus de 86% de la population. Les effectifs du cheptel sont importants: bovins: 4 700 000, volaille: 22 000 000, ovins: 6 600 000, caprins: 8 400 000 (STC-PDES/MEF, 1998, MRA, 2000), faisant du Burkina Faso le 2^{ème} pays d'élevage de l'Afrique de l'Ouest.

Les animaux exploités sont de races locales avec de faibles performances de production (Bambara, 2003). Sur le plan pathologique, dans tous les types d'élevage de petits ruminants, la situation zoo-sanitaire est caractérisée par la persistance de diverses maladies comme la clavelée, la variole caprine...(Doukoum et Paré, 2003).

Au plan génétique, à ce jour, on dispose de très peu de données permettant de caractériser de manière fiable et définitive, les différentes races et types génétiques locaux. En outre, la pratique de modes d'élevage inappropriés a souvent contribué à l'absorption de certaines races locales dont la connaissance sur le plan génétique est encore très sommaire (Lombo, 2002). L'amélioration

de la productivité des races animales ou le maintien de la diversité génétique peut permettre aux éleveurs de sélectionner les animaux ou de créer de nouvelles races afin de faire face aux modifications de l'environnement et à l'émergence de nouvelles maladies. Cela nécessite au préalable une connaissance plus approfondie de nos races à travers leur caractérisation génétique (Ouragh, 1997; MRA, 2002). Des données existent sur la chèvre du Sahel (Sanfo, 2000), sur le zébu Peul et sur le Taurin (Belemsaga, 2002), mais à ce jour, ces recherches n'ont pas encore concerné les races locales de petits ruminants (moutons et chèvres) du plateau central, communément appelé type "Mossi".

La présente étude vise à établir quelques données ethnologiques des ovins et caprins "Mossi", comme base de définition d'une stratégie d'amélioration génétique par sélection et/ou croisement en vue d'une plus grande utilisation pour les besoins des populations.

Site de l'Etude

Les marchés à bétail enquêtés dans le cadre de ce travail sont ceux implantés par le Ministère des Ressources Animales et situés autour de la ville de Ouagadougou.

L'étude a été menée dans la province du Kadiogo (plateau central du Burkina Faso) localisée entre les latitudes 12°22 Nord et le 1°31 de longitude Ouest. La zone appartient au domaine soudano-sahélien, avec un climat de type Nord soudanien (Guinko, 1984). Elle est caractérisée par une longue saison sèche (novembre à mai) et une saison des pluies allant de juin à octobre (600 à 800 mm/an).

La température annuelle moyenne est de 33°C, avec des minima de 18°C à 20°C (décembre/janvier) et des maxima de 37°C à 42°C (mars/avril).

La végétation de la zone est celle de savanes arborées à arbustives avec des strates herbacées dominées par des graminées (*Pennisetum*, *Cenchrus*, *Aristida*, *Brachiaria*



Figure 1. Chèvre Mossi.



Figure 2. Troupeau de chevreaux Mossi.



Figure 3. Brebis Mossi.

etc.) et des ligneux (*Combretum micranthum*, *Lanea microcarpa*, *Parkia biglobosa*, *Vitallaria paradoxa*, etc.).

Matériels et Méthodes

Les animaux

L'étude a concerné des ovins et des caprins de race locale "Mossi" dont l'âge est compris entre 10 jours et 9 ans (Figure 1-5). Au total, 314 animaux ont fait l'objet de mensurations (202 ovins et 112 caprins).

Méthodologie d'enquête sur le terrain

La méthodologie a consisté d'abord à faire un recensement des éleveurs suivis d'un entretien avec ces derniers. Cet entretien consistait à leur expliquer le but de ce travail et comment l'équipe allait procéder.

Le travail proprement dit s'est effectué en trois phases: la première phase a concerné la notation des renseignements sur l'âge (mois) des animaux selon l'avis du berger et la

dentition, ensuite la deuxième phase a consisté à noter les caractères visibles tels que la structure du poil (a: Court et dur; b: Court et lisse; c: Long et dur; et d: Long et lisse), le port de l'oreille (a: dressé long; b: dressé court; c: tombant long; et d: tombant court), la présence ou non de barbiche ou de corne et la couleur de la robe (1: blanc; 2: noir; 3: noir et blanc; 4: brun; et 5: blanc brun) et enfin dans la dernière phase, il s'est agi des mesures de: la hauteur au garrot (HG) (cm), du périmètre thoracique (PT) (cm), de la longueur de la diagonale du corps (LDC) (cm), la hauteur à la croupe (HC) (cm) et le poids vif (PV) (kg) à l'aide d'un mètre ruban. Ces mesures ont été faites selon le procédé décrit par Katongole *et al.* en 1994 (Figure 6).

Analyse des données

Les données ont été saisies sur le logiciel Excel 5.0, ce qui a permis d'exprimer les résultats sous la forme de moyenne \pm Ecart type pour les paramètres mesurés (PV, HG, HC, LDC, PT) et de fréquence pour les paramètres observés (structure du poils, port

de l'oreille, couleur de la robe et la présence ou non de corne et de barbiche). Les tests de régression linéaire avec le logiciel Statistica version 6.1. ont servi à apprécier les relations entre PV, HG et PT.

Résultats

Structure des troupeaux échantillonnés

Le tableau 1 montre la structure des troupeaux ovins et caprins "Mossi" étudiés. La population ovine de l'échantillon est composée de 154 mâles (76,2%) et 48 femelles (23,8%).

Quant à la population caprine, elle est composée de 77 femelles (68,7%) et 35 mâles (23,8%). Contrairement aux ovins, les femelles caprines sont numériquement plus importantes que les mâles au sein des troupeaux.

Mesures corporelles

Chez les caprins

Les résultats des mesures corporelles effectuées chez les caprins en fonction de la classe d'âge et du sexe sont résumés dans le tableau 2.

Chez les ovins

Les résultats des mesures corporelles effectuées chez les ovins en fonction de la classe d'âge sont résumés dans le tableau 3.

Il ressort de ces deux tableaux (Tableaux 2 et 3) que les différents paramètres mesurés varient avec l'âge des animaux. Ces paramètres augmentent avec l'âge jusqu'à 12 mois d'âge; mais à partir de 25-36 mois, cette variation semble s'estomper et les différents paramètres sont sensiblement constants. Le constat est légèrement différent concernant le sexe où les mâles mesurent



Figure 4. Bélier Mossi.



Figure 5. Bouc Mossi.

Légende

LDC: Diagonal length: Longueur de la Diagonale du Corps

PT: Heart girth: Périmètre Thoracique

HC: Rump height: Hauteur à la Croupe

HG: Wither height: Hauteur au Garrot.

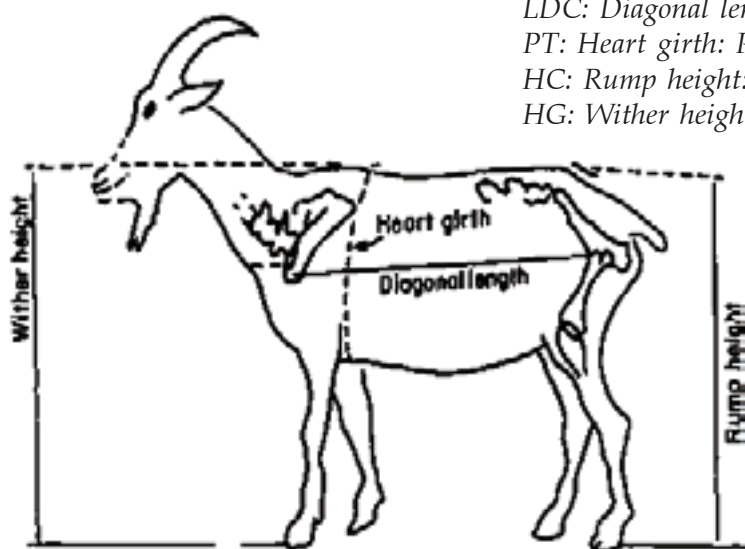


Figure 6. Position des mesures corporelles effectuées (d'après Katongole et al., 1994).

plus que les femelles et ce, au niveau de toutes les classes d'âges chez les ovins.

Les figure 7 donne un aperçu du poids des ovins et des caprins aux différents âge-types. Il ressort que les ovins sont plus lourds que

les caprins mais la différence n'est pas significative.

Les équations de régression linéaire multiples suivantes ont été trouvées entre le poids vif et le PT, la HG:

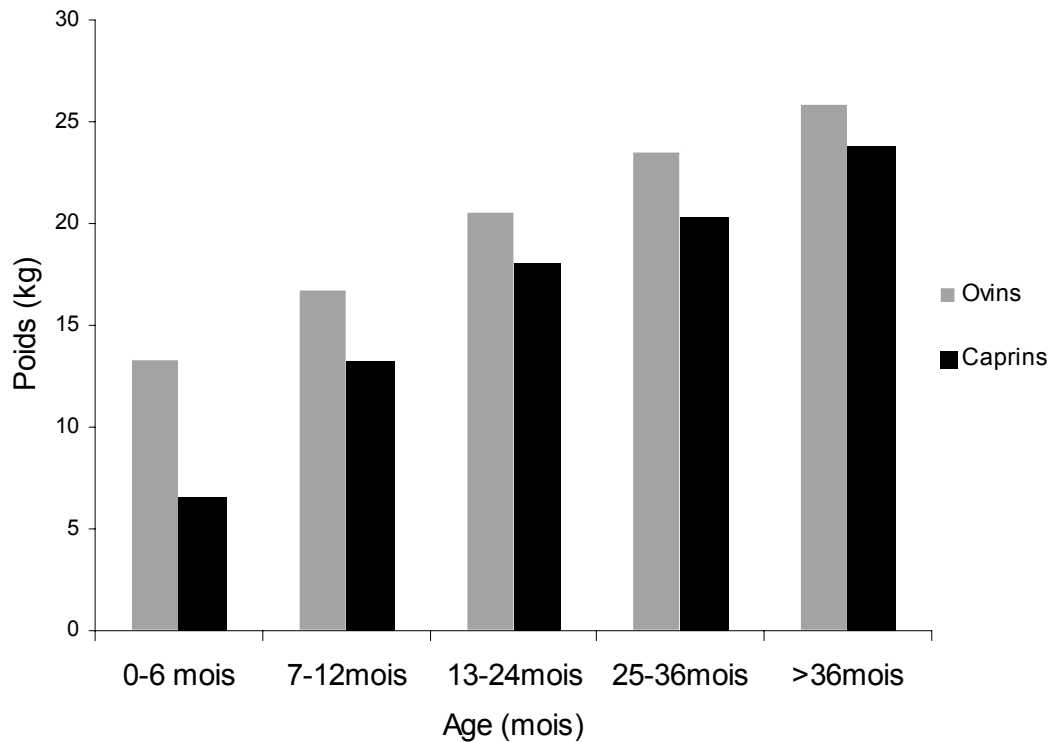


Figure 7. Evolution du poids des animaux (ovins et caprins) en fonction de l'âge.

Pour les ovins:

$$y \text{ (kg)} = 0,35 \text{ PT (cm)} - 0,11 \text{ HG (cm)} + 4,48$$

($r=0,81$ et $P<0,05$).

Pour les caprins:

$$y \text{ (kg)} = 1,33 \text{ PT (cm)} - 0,93 \text{ HG (cm)} - 0,23$$

($r=0,88$ et $P<0,05$).

La HG et le PT expliquent mieux le poids vif avec des coefficients de corrélation significatifs.

Couleur de la robe et structure du poil

Le tableau 4 résume la fréquence (%) des différentes couleurs de la robe et de la structure du poil notées sur l'ensemble des animaux.

La couleur de robe dominante chez les ovins est le noir-blanc avec une fréquence de 50%, suivie du blanc et du blanc-brun avec respectivement 26,7 et 22,3%. Le noir et le brun sont très peu rencontrés (0,5% chacun). Par contre, chez les caprins, la couleur dominante est le blanc-brun avec 39,3%

suivie du brun (28,6%) et du noir blanc (27,7%).

Quant à la structure du poil, le pelage est majoritairement court et dur chez les ovins (96,0%). A l'opposé, le poil est ras et lisse chez la plupart des caprins (85,7%). La structure "ras et dur" est présente chez 11,6% des animaux de cette espèce.

Fréquences de présence de barbiches, de cornes et du port de l'oreille en fonction de l'espèce et du sexe des animaux

Le tableau 5 donne les fréquences d'observation de la barbiche, des cornes et de celle du port de l'oreille en fonction de l'espèce et de la classe d'âge chez les animaux.

La barbiche est complètement absente chez l'espèce ovine alors qu'on la retrouve au niveau des deux sexes chez les caprins (25,7% chez les mâles contre 11,7% chez les femelles). Les cornes sont présentes chez les

Tableau 1. Structure des troupeaux ovins et caprins échantillonnés.

Variables	Espèces			
	Caprins		Ovins	
	Mâles	Femelles	Mâles	Femelles
Nombre animaux	35	77	154	48
<i>Proportion par classe d'âge (%)</i>				
0-12 mois	82,9	37,7	54,5	25
13-24 mois	5,7	15,6	31,2	25
25-36 mois	8,6	26,0	12,3	18,8
> 36 mois	2,9	20,8	1,9	31,3

deux sexes de toutes les espèces avec cependant des fréquences variables. La présence des cornes chez les mâles est observée dans 97,5% et 94,3% des cas respectivement chez les ovins et les caprins. Cette fréquence est de 14,6% chez les femelles ovines alors qu'elle est de 100% chez les femelles caprines.

Le port "dressé court" de l'oreille est très marqué chez les caprins (82,9% chez les mâles et 90,9% chez les femelles). L'aspect "oreilles tombantes courtes" prédomine chez les ovins avec une fréquence de 92,9% chez le mâle et 43,8% chez les femelles. Cinquante (50) pour cent des femelles ovines présentent des "oreilles tombantes longs".

Discussions

La première observation importante qui ressort de cette étude est relative à la structure du troupeau. On note une supériorité numérique des caprins femelles par rapport aux caprins mâles. Cela peut être lié à la quasi-absence de l'activité d'embouche caprine dans la zone d'étude: or, l'embouche concerne quasi exclusivement les mâles. Il s'ensuit que leur proportion dans le troupeau reste très élevée. Ce qui n'est pas le cas chez les ovins où l'embouche ovine est l'un des premiers objectifs des éleveurs de cette espèce. Les mâles sont donc prioritairement orientés vers cette spéculation, ce qui diminue leur nombre au sein du troupeau. Il y a aussi le fait que les

mâles soient utilisés à d'autres fins à un âge précoce et que les femelles passent un temps plus long dans les troupeaux comme constaté par Tama *et al.*, (1994) sur les caprins du Nord-Cameroun. Ces données corroborent celles de Tamboura et Berté (1994) dans la même région.

Par contre la situation est toute autre chez les ovins où il y a plus de mâles que de femelles. Cette situation s'explique d'une part, par l'intensité de l'activité d'embouche ovine dans la région centre et d'autre part, par le fait que certains marchés à bétail de la place étaient concernés par l'enquête. La vente concerne quasi exclusivement des individus de sexe mâle.

Les résultats obtenus quant au poids vif (PV) et aux paramètres morphologiques sont comparables à ceux trouvés par Katongole *et al* (1994). Les mâles sont généralement plus lourds et leurs paramètres morphologiques supérieurs, comparés aux femelles au-delà de 12 mois d'âge et ce pour les deux espèces.

L'âge affecte les différents paramètres étudiés. Ce constat rejoint celui fait par Katongole *et al* (1994) sur les caprins Tswana et Sanfo (2000) sur la chèvre du Sahel Burkinabé. En considérant la classe d'âge de 25 - 36 mois comme l'âge adulte et en se basant sur le poids vif (PV) et la hauteur au garrot (HG), on peut classer les petits ruminants de race locale "Mossi" dans le type génétique de petit format avec un poids vif moyen de 20,2±4,5 kg chez les caprins et 23,3±5,0 kg chez les ovins. Les hauteurs moyennes au garrot sont de 48,4±4,1 cm

Tableau 2. Mesures corporelles (Moyenne \pm Ecart type) chez les caprins Mossi en fonction de la classe d'âge et du sexe.

Paramètres mesurés	Classe d'âge (mois) par sexe											
	0-12		13-24			25-36			> 36			
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F		
PV (kg)	8,4 \pm 4,0	11,1 \pm 4,6	23,5 \pm 0,7	17,2 \pm 3,4	20,2 \pm 4,5	20,4 \pm 4,4	-	23,9 \pm 4,7	-	-	-	
PT (cm)	44,0 \pm 7,7	48,5 \pm 9,2	62,0 \pm 4,0	60,1 \pm 6,4	62,7 \pm 5,4	62,0 \pm 5,5	-	63,2 \pm 6,5	-	-	-	
LDC (cm)	32,7 \pm 5,7	35,0 \pm 6,1	44,0 \pm 4,0	40,9 \pm 2,2	41,0 \pm 1,4	43,0 \pm 3,2	-	47,2 \pm 6,8	-	-	-	
HG (cm)	38,0 \pm 6,1	39,5 \pm 6,6	52,1 \pm 5,1	48,5 \pm 3,1	48,4 \pm 4,1	48,6 \pm 3,8	-	49,7 \pm 3,9	-	-	-	
HC (cm)	40,1 \pm 6,0	42,5 \pm 7,2	53,0 \pm 5,0	51,2 \pm 4,6	50,1 \pm 4,1	51,6 \pm 3,6	-	52,2 \pm 4,0	-	-	-	

M: mâle F: Femelle; LDC: Longueur de la Diagonale du Corps; PT: Périmètre Thoracique; HC: Hauteur à la Croupe; HG: Hauteur au Garrot.

Tableau 3. Mesures corporelles (Moyenne \pm Ecart type) chez les ovins Mossi en fonction de la classe d'âge.

Paramètres mesurés	Classe d'âge (mois) par sexe											
	0-12		13-24			25-36			> 36			
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F		
PV (kg)	15,9 \pm 4,2	11,3 \pm 6,3	20,7 \pm 4,3	20,3 \pm 2,7	23,3 \pm 5,0	24,0 \pm 3,1	26,5 \pm 6,9	25,8 \pm 4,2	-	-	-	
PT (cm)	57,4 \pm 6,8	49,2 \pm 9,7	63,4 \pm 5,3	67,9 \pm 4,5	67,5 \pm 6,3	69,8 \pm 4,6	69,0 \pm 5,7	72,1 \pm 6,1	-	-	-	
LDC (cm)	41,7 \pm 4,8	37,3 \pm 6,4	44,9 \pm 3,5	45,7 \pm 2,8	61,9 \pm 18,7	52,7 \pm 13,7	47,7 \pm 3,3	50,2 \pm 6,5	-	-	-	
HG (cm)	51,6 \pm 5,4	46,9 \pm 8,3	56,9 \pm 5,1	58,1 \pm 6,4	59,3 \pm 5,5	59,3 \pm 4,9	60,7 \pm 6,2	58,8 \pm 5,3	-	-	-	
HC (cm)	54,9 \pm 5,8	48,3 \pm 8,7	60,0 \pm 3,8	60,7 \pm 7,2	62,6 \pm 5,6	60,7 \pm 4,3	61,4 \pm 6,1	58,6 \pm 9,7	-	-	-	

Tableau 4. Fréquences (%) des différentes couleurs de la robe et de la structure du poil chez les ovins et caprins Mossi.

Caractéristiques	Espèces	
	Ovins	Caprins
<i>Couleur de la robe (%)</i>		
Noir	0,5	4,5
Noir et blanc	50,0	27,7
Brun	0,5	28,6
Blanc brun	22,3	39,3
Blanc	26,7	0,0
<i>Structure du poil (%)</i>		
Court et dur	96,0	11,6
Court et lisse	4,0	85,7
Long et dur	0,0	1,8
Long et lisse	0,0	0,9

Tableau 5. Fréquences (%) de présence de barbiches, de cornes et du port de l'oreille en fonction de l'espèce et du sexe des animaux.

Caractéristiques	Espèces			
	Ovins		Caprins	
	Mâles	Femelles	Mâles	Femelles
Barbiche	0,0	0,0	25,7	11,7
Cornes	97,5	14,6	94,3	100,0
Oreilles dressées court	1,9	4,2	82,9	90,9
Oreilles dressées long	0	2,1	14,3	3,9
Oreilles tombantes court	92,9	43,8	2,9	2,6
Oreilles tombantes long	5,2	50,0	0,0	2,6

chez les caprins et de $59,3 \pm 5,5$ cm. La grande variabilité du poids vif à l'âge adulte aussi bien chez les ovins (18 à 32 kg) que chez les caprins (14 à 30 kg) indique qu'on pourrait améliorer le poids de ces races par sélection rigoureuse de sujets adaptés (Tama *et al.*, 1994).

Cette étude a par ailleurs révélé une gamme assez variée de couleur de la robe aussi bien chez les ovins que chez les caprins. Chez les caprins, la grande variation de la couleur de la robe et de la structure du poil indique que cette race n'a pas encore été purifiée par sélection.

La couleur de la robe dominante est le "noir blanc" chez les ovins. Ce résultat est

semblable à celui rapporté au Passoré et au Yatenga (Sanou, 1997) sur des ovins croisés Bali Bali x Mossi.

Quant à la structure du poil, elle est "court et lisse" et cela est proche du résultat obtenu par Tama *et al.* (1994) sur les caprins du Nord-Cameroun.

Comme le signalent Katongole *et al.* (1994), la tendance relativement dominante de la robe blanche, seule ou en association avec d'autres couleurs, pourrait constituer un caractère d'adaptation des animaux aux importantes fluctuations de l'intensité de la lumière et surtout aux importants écarts de températures observés dans le plateau central du Burkina Faso.

Les cornes sont présentes dans les deux sexes chez les caprins avec une fréquence très proche de 100%. Ce résultat est différent de celui de Tama *et al* (1994), ce qui serait certainement lié à la faible taille de notre échantillon.

Le port de l'oreille dressé court est dominant. Cette observation est différente des résultats obtenus par Katongole *et al* (1994) au Botswana où les caprins présentent de longues oreilles. Quant à la faible présence de barbiche, elle est conforme au résultat obtenu par Tama *et al* (1994).

Conclusions

Au terme de cette étude, il ressort que les petits ruminants de race locale "Mossi" sont de petits formats. Ce sont des types génétiques multicolores avec cependant une prédominance de la couleur "noir et blanc" chez les ovins, "blanc-brun" chez les caprins. Le pelage est généralement "court et dur" chez les ovins et "court et lisse" chez les caprins. Les barbiches ne sont présentes que chez les caprins alors qu'il y a présence de cornes chez toutes les espèces au niveau des deux sexes. Le port de l'oreille est généralement "dressé et court" chez les caprins et "tombant et court" chez les ovins.

La grande variation observée dans la couleur de la robe chez ces animaux dans cette étude, indique que ces types génétiques offrent de grandes possibilités d'amélioration génétique par sélection. Il a par ailleurs été noté une grande variation du poids vif chez les deux espèces, ce qui offre là aussi des possibilités d'amélioration génétique par sélection basée sur ce paramètre.

Cette étude préliminaire sur la caractérisation génétique des petits ruminants de race locales se poursuivra des études bio-moléculaire afin de permettre une caractérisation plus fine de la race locale, pré-requis à l'amélioration génétique.

Références bibliographiques

Bambara X. 2003. La politique d'intensification des productions animales au Burkina Faso. In Journées de Santé Animale. Thème: Intensification des Productions Animales et Pathologies associées. Bobo-Dioulasso, 22 -23 mai.

Belemsaga D.M.A. 2002. Caractérisation génétique de la race somba. Thèse 3^{ème} cycle en physique nucléaire. Faculté des sciences et techniques de Dakar.

Doukom B. & M. Paré. 2003. Situation Zoo-sanitaire du cheptel et politique de santé animale dans le cadre de l'intensification de productions animales. Journées de Santé Animale. Thème: Intensification des Productions Animales et Pathologies associées. Bobo-Dioulasso, 22-23 mai.

Guinko S. 1984. Végétation de la Haute-Volta. Thèse de doctorat es sciences. Université de Bordeaux III. Tome I, pp. 394.

Katongole J.B.D., B. Sebolai & Madinabe. 1994. Morphological Characterisation of the Tswana goat. In Small Ruminant Research and Developpement in Africa. Proceeding of the third Biennial Conference of the african Small Ruminant Research Network. UICC, Kampala, Uganda, 43-47.

Lombo M. 2002. Le point sur les ressources génétiques dans les sept pays membres du CIRDES. Mémoire de fin d'étude présenté en vue de l'obtention du diplôme d'ingénieur agronome, option élevage. Université du Bénin.

MRA. 2000. Plan d'Action et Programme d'Investissement du secteur de l'élevage au Burkina Faso.

MRA. 2002. Proposition d'axes pour l'élaboration d'une politique d'amélioration génétique des animaux au Burkina Faso. Rapport provisoire, pp. 66.

.....

Ouragh L., M. Ouassat & M. Machmoum. 1997. Polymorphisme des protéines sanguines chez l'âne (*Equus asinus*) au Maroc. Revue Elev. Méd. Vét. Pays trop., 1997, 50 (2).

Sanfo R., A.J. Nianogo & H.H. Tamboura. 2000. Profil morpho-biométrique, évolution pondérale et indices de productivité de la chèvre du Sahel au Burkina Faso. Sci. Et tech, vol 24, n 2, 68-76.

Sanou M. 1997. Amélioration des performances de croissance chez les ovins croisés bali-bali Mossi. Rapport de fin d'Etude Présenté en vue de l'obtention du Diplôme de Technicien Supérieur option Elevage, pp. 57.

STC-PDES/Ministère de l'Economie et des Finances. 1998. Documents du cadre de politique économique 1998-2000. Rapport d'activités, Ouagadougou, pp. 56.

Tama A.C.N., D. Bourzat, P.S. Zafindrajaona & J.J. Lauvergne. 1994. Caractérisation génétique des caprins du Nord-Cameroun. In Small Ruminant Research and Developpement in Africa. Proceeding of the Biennial conference of the African Small Ruminant Research Network. UICC, Kampala, Uganda, 55-62.

Tamboura H. & D. Berté. 1994. Système traditionnel d'élevage caprin sur le plateau central du Burkina Faso. In Small Ruminant Research and Developpement in Africa. Proceeding of the Biennial conference of the African Small Ruminant Research Network. UICC, Kampala, Uganda. 93-97.

.....

Germplasm characteristics and conservation of Tongcheng pig: A case study for preservation and utilization of Chinese indigenous pig breeds

B. Fan¹, Z.L. Tang¹, S.P. Xu², B. Liu¹, Z.Z. Peng¹ & K. Li^{1,3a}

¹Laboratory of Molecular Biology and Animal Breeding, College of Animal Science and Technology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, P.R. China

²Tongcheng County Pig Breeding Farm, Animal Husbandry Bureau of Tongcheng County, Tongcheng 437400, P.R. China

³Department of Gene and Cell Engineering, Institute of Animal Science, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, P.R. China

Summary

The paper describes the breed characteristics, production performance including reproduction, growth, carcass and meat quality traits of the Tongcheng pig, one of the indigenous pig breeds suitable for a hybrid maternal line in central China. Based on the field investigation and data statistics from the farm recordings, the Tongcheng pig has early sexual maturity indicators, and the average litter size is 8.5 for first parity and 9.3 and 11.3 for the second and subsequent parities respectively. In a three-way crossing project launched recently, using the Tongcheng pig as the maternal parent and Landrace or Yorkshire pigs as the paternal parent, the performance testing results showed that Tongcheng pigs had a lower growth and meat production performance than these commercial pigs, but had superior meat quality. The production performance of the two crossing groups (Landrace/Yorkshire/Tongcheng pigs) (LYT) and Yorkshire/Landrace/Tongcheng pigs) (YLT) were improved in comparison to their parent lines, and the results further indicated that the LYT cross is a tri-crossing style convenient for farm and village areas in central China. Meanwhile, effective management measures taken towards Tongcheng pig preservation, and a genetic diversity evaluation on the Tongcheng pig

were reviewed. This paper offers the Tongcheng pig as a case study for the maintenance and utilization of indigenous pigs in China, which is rich in pig breeds but is also confronting the pig resource crisis.

Resumen

El artículo describe las características de la raza porcina Tongcheng, así como los rendimientos de producción, la reproducción, crecimiento, calidad de la canal y la carne. Se trata de una de las razas indígenas porcinas adecuadas para líneas híbridas maternas de la zona central de China. En base a las investigaciones de terreno y los datos estadísticos obtenidos en granja, la raza Tongcheng presenta síntomas de madurez sexual precoz, gran número de partos y una media de camada de 8,5 al primer parto y entre 9,3 y 11,3 a partir del segundo parto. Como demuestran los resultados de un reciente test llevado a cabo dentro de un proyecto con tres vías de cruce, utilizando como parental materno la raza Tongcheng y la raza Landrace, y la

^aCorresponding Author: Dr Kui Li, Lab. of Molecular Biology and Animal Breeding, College of Animal Science and Technology, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, P.R. China
likuihau@yahoo.com, lkxblghi@public.wh.hb.cn

Yorkshire como parental paterno, la raza Tongcheng presenta un crecimiento y rendimiento de producción de carne inferior a las otras razas comerciales, pero la calidad de la carne resultó superior. Los resultados de producción de dos cruces con Landrace x (Yorkshire x Tongcheng) (LYT) y Yorkshire x (Landrace x Tongcheng) (YLT) resultaron mejorados en comparación con sus líneas parentales. Además, resultó que el cruce Landrace x (Yorkshire x Tongcheng) era el más conveniente de todos en granja y para las zonas centrales de China. Mientras tanto se revisaron las medidas efectivas de manejo de la raza y el tipo de conservación y evaluación genética de la diversidad. Este artículo presenta un estudio de caso de la raza Tongcheng para el mantenimiento e utilización de porcinos indígenas en China, país que posee numerosas razas porcinas pero que al mismo tiempo se enfrenta a una crisis en materia de recursos genéticos.

Keywords: *Exotic pig breeds, Synthetic pig lines, Morphometric characteristics, Production performance, Growth traits, Carcass traits, Meat quality.*

Introduction

The Tongcheng pig is one of the well-known indigenous pig breeds which are generally used as maternal parents in crossbreeding programs in central China. It has the distinctive morphological characteristics of 'two black ends and a wide white belt in the middle, with a small white spot on the head', and was recognized as the Huazhong Two-End-Black pig with six other pig breeds of the same origin but having different names which are distributed in Hubei, Jiangxi, Hunan and Guangxi Provinces (Zhang *et al.*, 1985; Ding *et al.*, 2004). During a large scale investigation into indigenous domestic animal resources launched by the Ministry of Agriculture from the late 1970s to the middle of the 1980s, the Tongcheng pig was classified as the Central China Type, one

of six pig types in China classified according to their geographic localities, and was also described in detail in *Pig Breeds in China* (Zhang *et al.*, 1985). Because of its advantageous specificities such as superior meat quality, high heterotic vigor capacity and strong fitness under extensive management, the Tongcheng pig was entered into the first of the key lists of indigenous pigs to be conserved in China in 2000.

With the introduction and popularization of exotic pig breeds and synthetic lines such as Duroc, Landrace, Large White and PIC pigs since the 1980s, most of indigenous pig breeds have been confronting critical challenges. Since indigenous pigs have lower growth rates and less lean meat percentage than these commercial breeds, local farmers are reluctant to raise these pigs and would rather rear commercial pig breeds, two-way crosses or three-way crossbred pigs. In the past two decades, a significant number of indigenous pig breeds have declined dramatically in population size, especially the numbers of unrelated sires, and some have even already become extinct. It was estimated that four pig breeds had disappeared, 31 breeds were on the verge of endangerment and 71% of total indigenous pig breeds were in potential crisis (Ma *et al.*, 2002). Having the advantageous specificities mentioned, the preservation of the Tongcheng pig has been taken into consideration and effective measures have been put into practice by local animal husbandry departments. At the present time the population size of the Tongcheng pig and sire numbers remain relatively high, compared to other indigenous pigs. It is estimated that there are 30 pure sires from 15 unrelated ancestral lines, which are raised in the Tongcheng County Pig Breeding Farms and six breeding stations in towns and villages. In addition, there are about 10 000 pure dams in total in Tongcheng county. Eighty breeding dams are reared in the Tongcheng County Pig Breeding Farm, 6 000 dams are in the breeding farms of villages and preservation regions, and others



Figure 1. Main reproduction areas of Tongcheng pig.

are kept by private holders. Until now less systematic studies on the Tongcheng pig have been reported. It was the purpose of this paper to present the characteristics of, and appropriate preservation measures for, the Tongcheng pig, and offer reasonable and effective measures for conservation and utilization of indigenous pigs.

Origins

The Tongcheng pig's main areas of origin are the highland areas of Tongcheng county ($29^{\circ}02'$ to $29^{\circ}24'N$; $113^{\circ}17'$ to $114^{\circ}03'E$), and it is also distributed throughout Chongyang, Puqi, Tongshan, Xianning and other counties in Hubei Province, a central district of China (Figure 1). Tongcheng county is adjacent to the Jiangnan Campaigna and the Dongting Lake, and has mild weather and abundant rain fall that contribute to the large areas of fertile cultivation. Crops are cultivated two or three times annually, rice being the most important crop followed by potato, rape, soybean and corn. The plentiful green forage and agriculture byproducts offer an ideal condition for pig breeding and production.

The Tongcheng pig has a long history of domestication in central China. Recorded in the Tongcheng County Annals, half of local commercial taxes came from pig husbandry in the time of the Ming Dynasty of AD 15, which indicated that pig farmers were very prosperous at that time. The Tongcheng pig was also highly praised for its delicious meat flavor and once chosen as a tribute for



Figure 2. Profiles of a sow of Tongcheng pig.



Figure 3. Frontal view of a Tongcheng pig.

emperors during the Ming and Qing Dynasties (Ding *et al.*, 2004).

Morphometric Characteristics

The Tongcheng pig is also named the 'Two-End-Black' pig because of its black and white coat color (Figure 2). The hair on the head, neck and tail end is black. There is a small patch of white hair on the head, which is called the 'white star' by local farmers (Figure 3). Some animals whose white hair extends from the head to the nose are called 'broken forehead'. The head is moderate in size and the wrinkles on the face are plentiful and deep, looking like the Chinese character 'One Thousand', while some others resemble the Chinese character 'One' because of the deep lateral wrinkles on their foreheads. The nose is commonly pale red and called 'cuticolor English mouse', while some are black and named 'iron mouse'. The long ears hang low. The length of the neck is medium and the neck links to the shoulder firmly. The four limbs and trunk are covered by white hair. Some animals have black or

several black cob spots on the trunk, which are called 'waist flower' or 'back flower' in response to different positions. The back and waist are sunken in the majority of pigs. The abdomen is big and dropped and most sows walk with their teats brushing against the ground. The hip is sloped. The color of the skin covered with white hair is mostly pale red.

The average body height of an adult boar is 72 cm, body length is 140 cm, heart girth is 115 cm and body weight is 132 kg. The respective indices are 70 cm, 134 cm, 123 cm and 146 kg for adult dams (Source from the *Breeds of domestic animal and poultry in Hubei Province*, Second edition, 2004).

Production Performance

In comparison to commercial pig breeds, the Tongcheng pig matures sexually relatively early. The boars first begin exhibiting sexual behaviour (Figure 4) at about 40 days and have normal mating ability at the age of 100 days. However, the optimum body condition for the first mating for boars is



Figure 4. Piglets of Tongcheng pig.



Figure 5. A nursing sow of Tongcheng pig.

usually achieved at 6-8 months of age, or 40-50 kg body weight. The female gilts display the first estrous signs at the age of 90 days or so, and the optimum body condition for the first mating is usually achieved at 6-8 months or 45-50 kg body weight.

A field investigation into the reproductive performances of 4 685 litters in 2001 showed an average litter size of first parity for the Tongcheng pig of 8.5 and an average litter size for the second and subsequent parities of 9.3 and 11.3, respectively with and some elite

Table 1. Reproduction traits of Tongchen pig dams.

Trait		Numbers of litters	Mean value \pm SE	C.V%
Total number born	First parity	104	8.8 \pm 0.3	33.9
	Multiparities	237	11.1 \pm 0.2	26.1
Number born alive	First parity	99	7.2 \pm 0.3	46.7
	Multiparities	234	10.1 \pm 0.2	24.7
Litter weight born (kg)	First parity	26	6.7 \pm 0.4	33.9
	Multiparities	172	8.0 \pm 0.2	27.7
Body weight per piglet born (kg)	First parity	26	0.7 \pm 0.0	24.7
	Multiparities	168	0.8 \pm 0.0	20.5
Litter weight at 21 days (kg)	First parity	12	22.3 \pm 1.7	25.9
	Multiparities	82	25.8 \pm 0.7	24.6
Litter weight at 60 days weaning (kg)	First parity	65	68.1 \pm 2.5	30.0
	Multiparities	239	89.1 \pm 1.5	26.9
Body weight per piglet at 60 days (kg)	First parity	64	9.7 \pm 0.3	20.3
	Multiparities	490	9.1 \pm 0.1	27.7
Number alive at 60 days	First parity	40	7.2 \pm 0.3	28.5
	Multiparities	309	8.8 \pm 0.1	29.1
Rearing rate (%)	First parity	43	87.9 \pm 2.4	17.5
	Multiparities	314	89.1 \pm 0.8	15.8

Source: The breeds of domestic animal and poultry in Hubei Province, First edition, 1986.

dams able to go up to 25 (Figure 5). The useful life of breeding dams is usually 5-7 years. The detailed reproduction traits of Tongcheng dams are shown in table 1 (Source from the *Breeds of domestic animal and poultry in Hubei Province*, First edition, 1986).

Growth Traits

The Tongcheng pig is good at consuming fresh and coarse fodder such as roughage and agricultural byproduct, so it is especially suitable for being farmed under extensive management in village and countryside areas. Raised on a low nutritional diet, the body weight of Tongcheng pigs can reach 65-75 kg at the age of 8-10 months. Generally speaking, 75 kg is a convenient body weight for slaughter, since Tongcheng pigs mostly increase flare fat and loose fat without increasing their proportion of lean meat after 75 kg is reached.

A performance testing scheme was carried out at the Tongcheng County Pig Breeding Farm by our research group in 2003, with the objective to make full use of the economic crossing of the Tongcheng pig. The pigs were surveyed under conditions of access to unlimited water and unrestricted feed, with their diet containing 16.05% crude protein and 3.12 MJ/kg digestible energy during the growing-finishing period, and some of the resulting major growth performance indices, including the age at 75 kg body weight, average daily gain and feed-to-gain ratio, are shown in table 2. With regard to these four measures, the Tongcheng pig achieved lower scores than Landrace or Large White pigs. It is also clearly shown that the growth performances of the three-way crossing groups (Landrace/Yorkshire/Tongcheng pig and Yorkshire/Landrace/Tongcheng pig) using the Tongcheng pig as the maternal parent, have been improved.

Table 2. Growth performances of Tongcheng pig compared with Landrace, Yorkshire and three-way crossbred pigs.

	Sample size	Age(day) ^a	ADG ₁ (g) ^b	ADG ₂ (g) ^c	FCR ^d
Tongcheng pig	33	200.1±4.2	348.2±5.8	449.4±21.4	5.0
Landrace	30	169.7±3.2	522.2±7.4	862.9±14.8	3.1
Yorkshire	32	173.9±3.4	501.3±7.7	790.5±17.2	3.3
LYT	33	167.2±3.6	544.8±9.6	849.4±17.1	3.1
YLT	34	163.9±3.3	559.2±7.7	807.6±17.0	3.2

^aAge: the days from birth to marketing, Tongcheng pig is 75 kg and other four groups are 90 kg at marketing.

^bADG₁, Average daily gain whole term (from birth to marketing).

^cADG₂, Average daily gain during the trial (from days at 25 kg body weight for Tongcheng pig, 30 kg for other four pig groups to marketing).

^dFCR, Feed conversion rate during the trial.

Carcass Traits

Following a middle to high nutritional level feeding schedule and at a body weight of 75 kg, 33 Tongcheng pigs were slaughtered in Tongcheng County Meat Packing Plant for carcass performance testing. Meat production performances comprising more than twenty traits were measured in accordance with the national guidance on

technical standards of performance testing for lean meat type breeding pigs in China (GB8467-87). The seven important measures of the Tongcheng pig are shown in table 3 and are compared with Landrace and Large White pigs and two other three-way crossbred pigs. The Tongcheng pig has inferior pork production performance as shown by some traits such as carcass length, average backfat thickness and longissimus



Figure 7. The Longissimus muscle area and backfat thickness of Tongcheng pig (255#) in comparison to Landrace×(Yorkshire×Tongcheng pig) (878#).

Table 3. Carcass performances of Tongcheng pig compared with Landrace, Yorkshire and three-way crossbred pigs (Landrace x (Yorkshire x Tongcheng pig), LYT; Yorkshire x (Landrace x Tongcheng pig), YLT).

	Tongcheng pig			
	33	30	32	34
Sample size	33	30	32	34
Dressing percentage (%)	73.5±0.5	76.2±0.5	78.1±0.6	76.4±0.4
Carcass length Max.(cm)	80.2±0.7	94.2±0.7	91.9±0.7	92.1±0.6
Carcass length Min. (cm)	68.3±0.5	78.5±0.5	77.1±0.5	76.9±0.4
Number of ribs	13.8±0.1	15.6±0.1	15.5±0.1	15.2±0.1
Average backfat thickness at 3 points (mm)	40.5±1.0	21.0±1.1	30.4±1.3	31.4±0.9
Skin thickness (mm)	4.4±0.2	2.3±0.2	2.8±0.2	2.8±0.2
Longissimus muscle area (cm ²)	19.4±0.7	40.2±0.7	35.6±0.7	33.8±0.6
Percentage of leaf fat (%)	5.2±0.2	1.4±0.2	2.2±0.2	2.7±0.2
Percentage of leaf and caul fat (%)	10.3±0.3	2.9±0.3	3.7±0.4	4.8±0.0
Percentage of ham in the carcass (%)	27.3±0.4	32.2±0.3	30.9±0.4	30.9±0.3
Proportion of lean and bone of the ham (%)	56.3±0.9	79.4±0.9	75.2±1.0	72.7±0.8

Table 4. Meat quality testing of Tongcheng pig in comparison to Landrace, Yorkshire and three-way crossbred pigs: Landrace x (Yorkshire x Tongcheng pig), LYT; Yorkshire x (Landrace x Tongcheng pig), YLT.

	Tongcheng pig			
	33	30	32	34
Sample size	33	30	32	34
Meat color score	3.3	3.0	3.2	3.0
pH value at 45-60min postmortem	6.6±0.0	6.5±0.1	6.3±0.0	6.4±0.0
Water loss percentage (%)	13.5±0.6	13.3±0.6	14.6±0.6	13.5±0.5
Muscle drip loss (%)	1.6±0.1	1.8±0.1	1.7±0.2	1.8±0.1
Muscle shear force (kg.f)	4.4±0.2	4.2±0.2	4.9±0.2	3.9±0.1
Marbling score	2.7	2.5	1.9	2.2
Intramascular fat content (%)	3.3±0.1	1.8±0.1	1.6±0.1	2.3±0.1

muscle area, but it displays strong fat deposit inclination in areas such as flare fat and loose fat content (Figure 6, Figure 7). The carcass performances of the three-way crossing groups was to some extent higher than that of the Tongcheng pig.

Meat Quality Traits

The Tongcheng pig has superior meat quality exhibiting desirable flavor, juiciness and tenderness. Meat quality testing of 33 Tongcheng pigs was conducted according to the national guidance on technical standards of performance testing for lean meat type breeding pigs (GB8467-87), following the carcass testing implementation. Meat quality measures including seven traits of Tongcheng pigs are shown in table 4, and compared with Landrace and Large White pigs and two other three-way crossbred pigs. Water binding capacity, intramuscular fat content and pork tenderness in the Tongcheng pig surpassed those of the commercial pigs, which might be a major reason for the superior meat quality of the indigenous pig. The meat quality measures of the three-way crossing groups fell between those of the Tongcheng pig and the commercial pig breeds, which indicated that a crossing style based on the Tongcheng pig as the maternal and commercial pigs as the paternal parents was effective for meat quality improvement.

Conservation Measures

The state-owned pig breeding farm engaged in the preservation of the Tongcheng pig was first established in 1957. Tongcheng county was approved to be the key conservation region in Hubei Province in 1982. In 1998 the Tongcheng Pig Standard was put into effect and these standards contribute to the pure pig verification, selection and grading measures for the breeding herd. In 2000, the Tongcheng pig entered into the first national

indigenous domestic animals conservation lists in China.

In order to take effective measures for the preservation of Tongcheng pigs, conservation farms and protectorates have been set up simultaneously since the early 1980s. At the present time there are eight boars in Tongcheng County Pig Breeding Farm each of which came from different ancestral line. In addition, there are 80 breeding dams in this state-owned farm. Selection approaches such as equal offspring numbers selected from each pedigree and long generation interval are implemented for these breeding pigs. In addition, there are five major natural countryside protectorates including Wuli, Magang, Guangdao, Sizhuang and Daping in Tongcheng county. In these conservation regions, pure Tongcheng pigs and two-way crossing dams are retained, while three-way crossbred pigs and commercial pig breeds are banned. Boars can be introduced and exchanged frequently among these conservation farms and protectorates. The performance testing for these boars is evaluated regularly, and the elite boars in the protectorates are registered by local departments of animal husbandry and transferred to conservation farms, mating stations and AI stations for preservation and wide-ranging utilization.

The number of pure boars available is important for the effective conservation of domestic animals. It is estimated that there are 30 breeding boars in Tongcheng county, which came from 15 different heredities with two individuals representing each heredity. Eight of them are reared in the County Pig Breeding Farm, and the other 22 boars are retained in mating stations and AI stations in towns and the countryside. The annual allowance for each boar is about 125 US\$ which is offered by local departments of animal husbandry.

There are 80 dams in Tongcheng County Pig Breeding Farm and others distributed amongst small pig breeding farms in towns and the countryside, key conservation villages and private owners. To reduce the cost of conservation, dams are allowed to be

mated with commercial boars for the first five parities, and the resulting crossbred offspring sold. Pure herd mating can be carried on after five parities for the renewal of the conservation population. The annual allowance for each dam is about 50US\$. In order to encourage farmers to raise pure pigs in conservation regions, some preferential terms were afforded to local farmers, for example, free services for disease treatment and artificial insemination, and the facilities for piglet marketing (Xu and Wu, 2001).

To facilitate the management of Tongcheng pig information including numbers, distribution locations and the production performance and inbreeding situation, computer software for an indigenous pig conservation information management system was designed and applied in Tongcheng County Pig Breeding Farm (Huang *et al.*, 2005). A standard individual ear tagging system is also in place, which is similar to that of the national breeding pig genetic evaluation program in China (www.cav.net.cn).

Crossing Utilization

Using Tongcheng pigs as the maternal parent, two-way crossing testing was implemented with Large White, Landrace and Duroc pigs as the paternal parent. The mean heterosis estimates were 20% and 30% for the growth rate of piglets and weaning litter weight, respectively. The heterosis estimates of three-way crossing were 13.2-16.5%, 13% and 50% for litter size, rearing rate and weaning litter weight, respectively (Xu and Wu, 2001).

Being considered for high hybrid vigor, coat color and environmental fitness, the Tongcheng pig was introduced into the breeding process of the Hubei White Pig. During the crossbred testing launched in Huazhong Agricultural University from 1973 to 1978, the Landrace × (Yorkshire × Tongcheng pig) was confirmed to be a superior cross combination model. From 1978 to 1986 through a series of systematic breeding measures using successive generation selection, sib selection and selection index, the two new lines of Hubei White Pig III and Hubei White Pig IV were



Figure 8. The two-way crossing sow of Yorkshire × Tongcheng pig.



Figure 9. The three-way hybrid pig Landrace \times (Yorkshire \times Tongcheng pig) named 'Eqing No. 1'.

developed (Peng *et al.*, 1986). In the following years, selection measures were further focused on improving growth rate and backfat thickness, and the VII maternal line of Chinese lean meat type was then formed.

In order to develop hybrid pigs suitable for villages and mountain areas operating under a low level nutritional feed diet and extensive management system while maintaining their fine meat quality, a crossbreeding project was started in Tongcheng County Pig Breeding Farm in 2000, which was a co-operative research project and was sponsored by the Department of Animal Genetics and Breeding (Huazhong Agricultural University), Tongcheng County Pig Breeding farm and the Youth League Committee of Hubei Province. There are five experimental groups including three pure groups of Tongcheng pig, Landrace, Yorkshire, and two three-way cross combinations of Landrace \times (Yorkshire \times Tongcheng pig) and Yorkshire \times (Landrace \times Tongcheng pig). Growth traits measures were obtained

during the fattening-finishing term, and carcass traits and meat quality traits were measured for Tongcheng pigs at 75 kg body weight and for the other four groups at 90 kg. The performance testing results showed that the production traits of three-way crossbred pigs were improved, and they were superior to the Tongcheng pig in terms of growth and carcass traits and were better than the Landrace and Yorkshire pigs in terms of meat traits (Figure 8, Figure 9).

Landrace \times (Yorkshire \times Tongcheng pig) exceeded Yorkshire \times (Landrace \times Tongcheng pig) in terms of body conformation and carcass traits.

Genetic Diversity Evaluation

Molecular markers have been developed and applied widely in the studies of genetic diversity for domestic animals, and greatly contribute to the rational conservation and utilization of indigenous pigs. Huang and Zhou (1989) analyzed the genetic relationships of six pig breeds with the

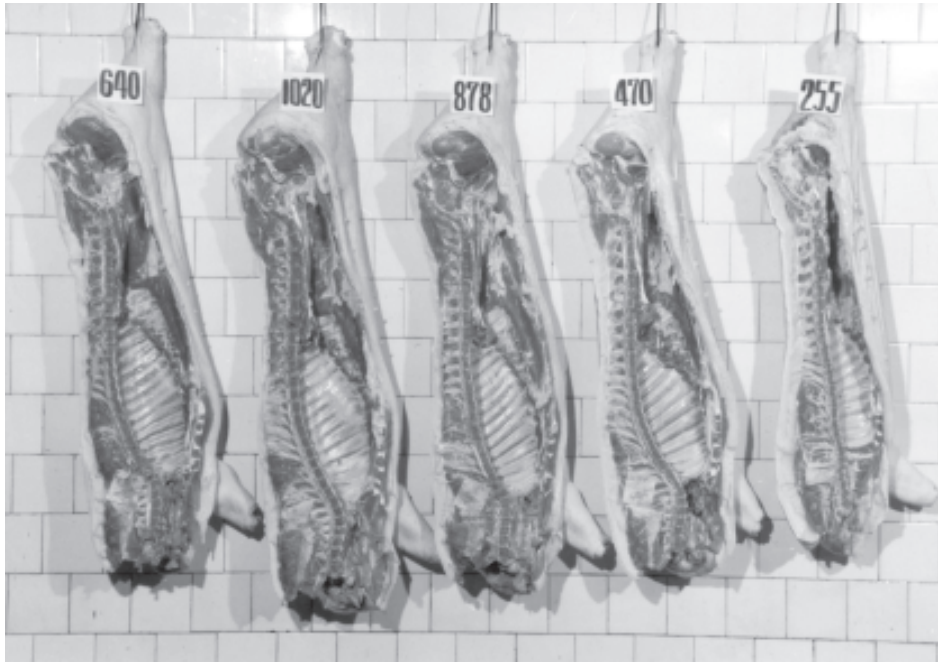


Figure 6. Carcass (left side) of Tongcheng pig (255#) in comparison to Landrace (1020#), Yorkshire (640#), Landrace×(Yorkshire×Tongcheng Pig) (878#) and Yorkshire ×(Landrace×Tongcheng Pig) (470#).

common appearance of 'Two-End-Black' using blood polymorphic markers, and suggested that these pigs are of one origin though they had different names. Recently, based on polymorphism analysis of ten blood protein loci, the genetic heterozygosity of the Tongcheng pig was 0.345 and it has the least distance from the Huainan Pig (Xiao *et al.*, 2004).

Revealed by DNA fingerprint and RAPD analysis, the Tongcheng pig was found to have higher genetic homogeneity than Qingping, Large White or Hubei White pigs, and had the least relationship with Hubei White pig (Jian 1998). The results from microsatellites detection demonstrated that the Tongcheng pig had a heterozygosity of 0.7489 and had a closer relationship with the Qingping pig, another pig breed in Hubei Province (Fan *et al.*, 1999). Recently, the national project 'Measure of Genetic Distances Among Indigenous Pig Breeds in China', started by the Ministry of Agriculture in 2000, has been completed. The Tongcheng pig had a mean genetic heterozygosity of

0.82 on the basis of 25 microsatellite loci and could be classified into the New Huazhong Type, while surprisingly it was far from other 'Two-End-Black' pig populations (Zhang *et al.*, 2003). Furthermore, Yang *et al.* (2003) presented the phylogenetic relationships of indigenous pigs using the near-complete mtDNA sequencing, and the Tongcheng pig was shown to have the closest relationship with Yushan Black Pig.

Conclusions

The Tongcheng pig represents a good maternal line in crossing programs and provides valuable breeding material for the development of new swine breeds, lines and cross combinations. The current measures on conservation and utilization play important roles for the maintenance of the Tongcheng pig, and their implementation would also be advisable for the preservation of other indigenous pig breeds in China.

Acknowledgements

Many thanks to colleagues at the Laboratory of Molecular Biology and Animal Breeding (Huazhong Agricultural University) and the Animal Husbandry Bureau of Tongcheng county for their participation during the production performance testing. Thanks to Zhang Gang for taking the photographs in this paper. This research was supported by National High Science and the Technology Foundation of China (2004AA222170), the Key Project of National Basic Research and Developmental Plan of China (G2000016103), the Key Project of National Natural Science Foundation of China (30330440), the Key Project of Technology Research and Development Foundation (2002AA201C27) and the Jingchu Foundation of Hubei Province.

List of References

- Ding S.H., H.S. Chen & J.P. Liu.** 2004. Breeds of domestic animal and poultry in Hubei Province. Second edition. Hubei Scientific and Technical Publishers, pp. 17-26.
- Editorial Committee of the 'Breeds of domestic animal and poultry in Hubei Province'.** 1985. Breeds of domestic animal and poultry in Hubei Province. First edition. Hubei Scientific and Technical Publishers, pp. 33-42.
- Fan B., K. Li, Z.Z. Peng et al.** 1999. Genetic variation of 27 microsatellite loci in three Hubei indigenous pig breeds. *Chinese Biodiversity*, 7, 91-96.
- Huang T.H., B. Fan, S.P. Xu et al.** 2005. Development and application of an information management system for Tongcheng Pig conservation and utilization. *Chinese Journal of Animal Science*, 42 (3): 50-51.
- Huang L.S. & Y. Zhou.** 1989. Studied on the genetic relationships of the black head-hind pig system and the short-ear pig system in central southern and eastern China. *Acta Veterinaria et Zootechnica*. 20, 117-122.
- Jian Y.H.** 1998. Studies on genetic purity of xenotransplantation donor. MSc Dissertation. Huazhong Agricultural University, Wuhan. China.
- Ma Y.H., G.F. Xu, D.Y. Wang & H.L. Liu.** 2002. Study on dynamic information of animal genetic resources in China. *Scientia Agricultura Sinica*. 35, 552-555.
- Peng Z.Z., Y.Z. Xiong, S.S Zhang et al.** 1986. Discussion on some aspects in the creation of a new lean type breed: the Hubei White pigs. The studies on selection breeding of Hubei White pig, pp. 19-29.
- Xiao W., Y. Zhang , D.X. Sun, et al.** 2004. Genetic diversity of Chinese indigenous swine using blood protein polymorphism. *Acta Veterinaria et Zootechnica Sinica*. 35, 246-251.
- Xu S.P. & P.B. Wu.** 2001. Conservation and breeding of Tongcheng pig. *Hubei Animal Husbandry and Veterinary*. 5, 17-19.
- Yang J., H. Wang, J. Kijas et al.** 2003. Genetic diversity present within the near-complete mtDNA genome of 17 breeds of indigenous Chinese pigs. *Journal of Heredity*. 94, 381-385.
- Zhang G.X., Z.G. Wang, F.Z. Sun et al.** 2003. Genetic diversity of microsatellite loci in fifty six Chinese native pig breeds. *Acta Genetica Sinica*. 30, 225-233.
- Zhang Z.G., B.T. Li, X.H. Chen et al.** 1985. *Pig Breeds in China*. Shanghai Scientific and Technical Publishers, pp. 75-81.

Characterization of Punjab Brown chicken

P.K. Vij, M.S. Tantia & R.K. Vijn

National Bureau of Animal Genetic Resources, P.O. Box 129, Karnal, 132 001 Haryana, India

Summary

A survey was conducted in the native tract of the Punjab Brown breed of chicken to study management practices, as well as morphological, performance and egg quality parameters. The study covered the three districts of Gurdaspur district in Punjab, and Ambala and Yamunanagar districts in Haryana, and included 532 birds and 61 families. Twenty-six microsatellite loci were used to assess genetic variability. The Punjab Brown is a multi-purpose breed, yielding good quality meat and eggs. Birds are reared in the backyard system and shelter is provided only during the night in the form of small enclosures mostly made up of mud and sometimes of wood. Average flock size is 8.7. Plumage colour is mostly brown and the pattern is usually solid but is sometimes spotted or striped. Males in particular have black spots/stripes on their neck, wings and tail. The comb is red, of single type and erect in position. The average weight of cocks and hens is 2.15 ± 0.94 and 1.57 ± 0.04 kg respectively. Hens start laying eggs at the age of about five to six months. Clutch size is about four to five. Average egg production is around 60-80 eggs per year. Eggshell colour is mostly light brown and average egg weight is 46.0 ± 1.91 g. The average weight of shell, albumin and yolk were 5.4 ± 0.21 , 24.4 ± 0.63 and 16.2 ± 0.48 g respectively. Yolk index, albumin index and Haugh units were 0.41 ± 0.005 , 0.10 ± 0.006 and 82.80 ± 0.98 respectively. A total of 218 alleles were observed. The number of alleles per locus varied from 4-14. The mean PIC value for all the loci was 0.744. Twenty-four loci were found to be neutral ($P < 0.05$) using Ewens Watterson test of

neutrality. The exact test revealed that 15 loci deviated from Hardy Weinberg Equilibrium. The population has not undergone any recent bottleneck as revealed by quantitative and graphical qualitative tests.

Resumen

Se ha llevado a cabo una encuesta en la zona originaria de la raza avícola Punjab Brown para estudiar las prácticas de manejo y los parámetros morfológicos y de rendimiento y calidad de los huevos. El estudio se realizó en tres zonas: Gurdaspur (Punjab), y Ambala y Yamunanagar (Haryana) con 532 aves y 61 familias. Se utilizaron 26 microsatélites de loci para averiguar la variabilidad genética. La raza Punjab Brown es tanto de carne como de huevos. Las aves se crían en sistema de corral y se encierran solo durante la noche en jaulas fabricadas la mayoría de las veces con barro y a veces de madera. La media de los grupos es de 8,7 animales. El plumaje es mayormente marrón y casi siempre uniforme, aunque a veces puedes tener manchas o estrías. Los machos suelen tener manchas negras en el cuello, las alas y la cola; la cresta suele ser rojiza, de forma única y en posición erecta. La media de peso de los machos y hembras resultó de $2,15 \pm 0,94$ y $1,57 \pm 0,04$ kg, respectivamente. Las hembras empiezan a poner huevos a los 5-6 meses de edad y el tiempo de incubación es de 4-5 días. La media de producción de huevos es de 60-80 huevos por año. El color de la cáscara suele ser marrón. La media del peso de los huevos es de $46,0 \pm 1,91$ gr. El peso medio de la cáscara, albumen y yema fueron de $5,4 \pm 0,21$, $24,4 \pm 0,63$ y $16,2 \pm 0,48$ gr, respectivamente. El índice de yema, albumen

y de unidades Haugh fueron de $0,41 \pm 0,005$, $0,10 \pm 0,006$ y $82,80 \pm 0,98$, respectivamente. Se estudiaron un total de 218 alelos. El número de alelos por locus varió entre 4 y 14. La media del valor PIC para todos los loci fue de 0,744. Se encontraron 24 loci neutrales ($P < 0,05$) utilizando el test de neutralidad Ewens Watterson. El test reveló que 15 loci se desviaban del Hardy Weinberg Equilibrium. La población no ha encontrado recientemente ningún problema, tal como demuestran la cantidad y calidad gráfica de los tests.

Keywords: *Chicken, Punjab Brown, Management practices, Morphological characters, Performance traits, Egg quality parameters, Microsatellites.*

Introduction

Rural poultry were the major source of production of eggs and meat in India about two to three decades ago. Backyard poultry farming was an important practice in rural areas, using indigenous or desi birds. These birds are of a scavenging type and require very little input for their survival and production. Growth rate and egg production are very low, but the birds are hardy and adapted to low input conditions. Increasing demand for poultry products and the consequent commercialization of the poultry industry has resulted in a rapid decline in the number as well as the purity of local breeds of birds. Rearing of few birds (5-20) in the backyard system adds significantly to the nutrition and economy of rural people. The eggs and meat of indigenous chicken are preferred over that of commercial birds due to their characteristic flavor, and consequently they fetch a higher price. Native chickens are known to be good foragers, efficient mothers, require less care to grow and are, therefore, most suited for raising under village conditions. These birds do however need special attention to be paid to their conservation and improvement. Many of the Indian chicken breeds exist as

names in the literature but there is no information on their characteristics and performance. There is a need to define existing chicken populations/breeds and to develop improvement and conservation programs so as to benefit rural people. The Punjab Brown is one such breed, and is found in northern India. Although Mahapatra and Panda (1981), Bhat *et al.* (1981), Acharya and Bhat (1984), Ayyagari (2000), Singh and Johari (2000) and Singh and Singh (2000) have reported on this breed, no detailed information exists. Therefore, an attempt has been made in this study to characterize and evaluate Punjab Brown breed in its native tract.

Materials and Methods

A survey was conducted in the Gurdaspur district of Punjab, and the Ambala and Yamunanagar districts of Haryana covering a total of 15 villages (10 in Punjab and 5 in Haryana). 532 birds (336 in Punjab and 196 in Haryana) maintained by 61 families (34 in Punjab and 27 in Haryana) were observed. Data on management practices, morphological characteristics and body weights were recorded. Performance parameters were recorded by interviewing the farmers. Eggs were collected for the purpose of studying quality parameters. Eggs were weighed and then broken out onto a level surface. The height of the thick albumen and yolk were measured with a spherometer. Egg yolks were weighed after separation from albumen. Shell thickness was measured with micrometer. Average body weight, and egg, albumin, yolk and shell weights were measured. Student's t - test was used to study the differences between birds of Punjab and Haryana area. Albumin index, yolk index and Haugh units were estimated as:

- Albumen index = Height of albumen / Average width of albumen.
- Yolk index = Height of yolk / Average width of yolk.
- Haugh unit = $100 \log (H + 7.57 - 1.7 W^{0.37})$

where H = Height of albumen and
W = Weight of egg.

Blood samples were collected from 44 unrelated birds from the breeding tract. The DNA was isolated using standard laboratory protocol (Sambrook *et al.*, 1989). The 26 microsatellite primers were selected based on their location, size and polymorphic information content (Table 1). The primers were tagged with Hex and Fam dyes. The genotyping was performed using ABI Avant 3100 Automated DNA Sequencer and Gene Mapper software version 3.0. The statistical analysis was performed using Popgene software (Yeh *et al.*, 1999). The mutation drift equilibrium test was applied using all the three models of microsatellite evolution using Bottleneck software version 1.2.02 (Cornuet and Luikart, 1999). The exact test for deviation from HWE was also carried out as implemented in Genepop software version 3.4 (Raymond and Rousset, 1995).

Results and Discussion

Distribution

Birds of the Punjab Brown breed are found in rural areas of Punjab and Haryana (Figure 1). They are used for both meat and egg production. In Punjab, these birds are maintained by progressive farmers as well as by poor families. While the former keep the birds for home consumption, the latter sell live birds/chicks and eggs as part of their livelihood. In Haryana, birds are generally maintained as a cash reserve by a few low-income families located in one part of the village. These birds are also found in the slums on the outskirts of cities with their owners doing good business because of the readily available market.

Flock size and composition

The number of birds per household mostly varied from 3 to 15. Average flock size was



Figure 1. Distribution of Punjab Brown chicken.

Table 1. Details of microsatellite primers.

Locus	Forward and reverse primers	Annealing temperature	Dye	Chr. no.
HUJ 002	CATCTCACAgAgCAGCAGTg gAATCCTggATgTCAAAGCC	55	FAM	17
HUJ003	gACAgCAAggATTAACCTgAg gTCTTggAgACTgTTagTTgg	55	FAM	1
LEI120	CgTAACACATgCAACTCAATg TTagAATgAAAAggCTgTTCC	55	FAM	15
LEI122	AATCCCTATAgAACTTTgTgC gATCTTACTggATTACCATTC	55	HEX	4
LEI147	TCAggCCTCTTgAACTCagg gCTATTAAgATACCTCagCTC	55	HEX	2
LEI155	gTACgTgTAgCtCggCTCACC gTCCgTgCATggCtCCgCtC	55	FAM	24
LEI166	AAgCAAgTgCTggCTgTgCTC TCCTgCCCTTAgCTACgCAC	55	HEX	3
LEI174	ATCATAcATgTTCTAgggCTg AAAgggCATTCCCgCATgAg	55	HEX	1
LEI64	TggTTgTcTCAATACAACggTC CTgTAAAgATTTCTCagAAACAg	55	HEX	7
LEI74	AAACgTCTgCCTTCATgCgAg CATCAATTAgAgCgAAgCCTC	55	FAM	26
LEI80	gTTAgAgCCATACAgAAACTTC ATCACAAAgCTTTCTTCTg	55	HEX	E46C08W18
LEI82	TATCCATACAgTACCCTCCTg CCTTAgCTggCtCagTggATg	55	HEX	5
LEI90	TAgTgCagCCCTATggAgCg ggTgAgTgTgCgTTACACgC	55	HEX	23
LEI98	CagTTAgCagAgATTTTCCTAC TgCCACTgATgCTgTCACTg	55	FAM	14
MCW176	AAAgAgAAgTATAAAACATgCC TCCATTCTTggCagTgCATAg	55	HEX	6
MCW213	CTgTTCACTTTAAggACATgg gACAAgTCAACAACCTgCCAag	55	FAM	13
MCW217	gATCTTTCTggAACAgATTTTC CTgCACTTggTTCAggTTCTg	50	FAM	18
MCW228	gATCTCTgCATTACAAGCATg TTgCTgACCTgCTCATgCAAag	55	FAM	10
MCW250	CAGAAATTTAgAgACTgTCTAC ATACggTAgCTCTgTTgCAAag	55	FAM	6
MCW261	gTAgTAgCagCTACACCAgAg gAgCagTTCATATgAAgTgCag	55	FAM	3
MCW262	gATCCAggCTTTAAgAAgAgg gATCTTgTACATgCCAgCAC	55	HEX	E46C08W18
MCW266	gATCCCCATgCgCACAC TTgCTACACTTCCACCTTTgg	55	HEX	19
MCW305	TCAGAAACAAAgCaggAgCTg TgACATCTTCAAACgAgACC	55	FAM	8

(Table 1 to be continued)

(... Table 1 to be continued)

Locus	Forward and reverse primers	Annealing temperature	Dye	Chr. no.
MCW317	ACTTgTTggCTgCTTgAgATg ATgCATgCATTACAgAAAgC	55	HEX	E46C08W18
MCW328	ATggAAACAgATggAgCTggC CTCCAATCCCAggCTCCAAC	55	FAM	27
MCW84	TTTgAAgggATgCTgCATgCA CTgATTTgCAgCTTggCTgAg	50	HEX	9

8.7 and was larger in Punjab (9.8) than in Haryana (7.3). On average, a flock in Punjab consisted of 24.7% chicks, 17.6%cocks and 57.7%hens while that in Haryana consisted of 49.5, 9.7 and 40.8 % chicks, cocks and hens respectively. Most of the flocks were of mixed type consisting of indigenous birds of varying colors. About 60 to 70 % of birds were of Punjab Brown type. Flocks of pure Punjab Brown birds were very few (2-3%).

Management practices

The birds are reared in a backyard system. Shelter is provided mostly during night. About 10% of farmers keep the birds confined both during the day and at night. Enclosures are small, mostly made of mud (68%). About 30% were made of bricks and 2% of wood. Most of the enclosures were single storied and only about 2% were



Figure 3. Punjab Brown hen.

multistoried. Some of the farmers have even made provision for birds below the mangers of cattle or buffalo. Chicks are kept under a basket made of bamboo sticks.

Birds are set free in the morning and scavenge the whole day in the vicinity of the farmer's house. The birds return to their enclosures in the evening. Hens come in as required to lay eggs. Farmers feed whole grains (wheat, broken rice, etc.) in morning and evening only. Kitchen waste is fed to the birds in a routine manner. Eggs for hatching are put on paddy husk on the floor or in a basket. About 40% of farmers usually and 15% sometimes set eggs for hatching at home while others purchase chicks. The broody hen is made to sit on the eggs, and then it is covered with a basket. Sometimes the hen is made to sit in an earthen pot or 'Hara' which is covered with a stone and placed in one corner of the room meant for family members. During the hatching period of 21-22 days, the hen is regularly fed grains and water. Birds are not vaccinated against any disease.

Morphological characteristics

The plumage colour is mostly brown (Figures 2 to 6). Some black or white coloured birds with a golden colour on their neck, wings and tail are also available. The pattern is usually solid but sometimes it is spotted or striped. Males in particular have black spots/stripes on their neck, wings and tail. The neck is darker in colour (brown/golden) than the rest of the body.

The skin is white and the shanks are yellow. The ear lobes are mostly brown but sometimes white or grey depending upon the plumage colour. The wattles are red, large sized in males and small in females. The eye ring is red as is the comb which is single type and erect in position. Very few hens have a floppy comb. The beak is yellow but in many birds the upper part of the beak turns black with age.

Performance

The overall average weight of cocks and hens was 2.15 ± 0.94 and 1.57 ± 0.04 kg, respectively (Table 2) and the differences were statistically significant ($P < 0.001$). These weights were on the low side of those reported by Mahapatra and Panda (1981). The weights of cocks as well as of hens in the two regions were not significantly different.

Hens start laying eggs at the age of about five to six months. Clutch size is about four to five. They lay about 15-20 eggs in one laying period of around 25-30 days, then the hen becomes broody and incubates eggs for 21-22 days. After hatching, it broods the chicks for 30-45 days and then the hen enters its next laying cycle. Each laying cycle takes about three months and in a year a bird undergoes a maximum of four laying cycles. Average egg production is around 60-80 eggs per year. Hatchability is about 60-80 % on a total egg basis and is lower in summer compared to that in winter. Mortality up to one month ranges from 10 to 30 %.

Table 2. Adult body weights (kg).

		Punjab Area	Haryana Area	Overall*
Cock	Mean	2.18 ± 0.11 (36)	2.09 ± 0.10 (15)	2.15 ± 0.94 (51)
	Range	1.2 - 4.5	1.5 - 3.0	
Hen	Mean	1.70 ± 0.04 (67)	1.40 ± 0.05 (56)	1.57 ± 0.04 (123)
	Range	1.2 - 2.7	0.8 - 2.8	

() No. of birds.

*Differences significant $P \leq 0.001$.

Table 3. Egg quality parameters.

Parameter	Haryana Area (29)	Punjab Area (8)	Overall (37)
Egg wt (g)	44.79±1.5	49.02±1.5	46.00±1.2
Shell wt (g)*	5.02±0.3	6.39±0.3	5.41±0.2
Albumin wt (g)	23.99±0.8	25.28±1.2	24.36±0.6
Yolk wt. (g)	15.79±0.6	17.36±0.7	16.24±0.5
Shell thickness (mm)**	0.32±0.0	0.35±0.0	0.33±0.0

() No. of eggs.

*Differences significant $P \leq 0.01$.

** Differences significant $P \leq 0.05$.

Egg characteristics

A light brown shell colour was most frequent (60.7%) followed by brown (25%) and dark brown (14.3%). Average egg weight was 46.0±1.19g (Table 3) and did not differ significantly in birds from the Punjab and Haryana areas. Average egg weight of



Figure 4. Punjab Brown cock.

Punjab Brown birds was more than the egg weight of 30-35g generally found in desi birds and was similar to that of the Brown Nicobari (45g, Padhi *et al.*, 2004) and Kadaknath (44.2g, Annual Report, 2001-2002) breeds. Average weight of shell, albumin and yolk were 5.4±0.21, 24.4±0.63 and 16.2±0.48g respectively. The shell was strong and average thickness was

0.33±0.007mm. Eggshell weight and thickness were significantly higher in the Punjab area (6.4g and 0.35mm) than those of the Haryana area (5.0g and 0.32mm) while albumin and yolk weights were not different. The consistency of albumin was thick. Yolk was yellow in colour in the majority of eggs (53.6%) followed by deep yellow (39.3%) and light yellow (7.1%). Yolk index, albumin index and Haugh units were 0.41±0.005, 0.10±0.006 and 82.80±0.98 respectively. Blood spots were absent in both albumin and yolk. Meat spots were absent in yolk but were present in albumin of about 18% of eggs.

Egg composition

On average, an egg contained 35.3, 52.9 and 11.8 % yolk, albumin, and shell and shell membranes respectively. The percentage of yolk, albumin and shell ranged

from 31 to 42, 45 to 58 and 9 to 17 respectively in different eggs.

Multi-locus genotyping

A total of 218 alleles were observed in 26 microsatellite loci. The number of alleles per locus varied from 4-14, with a maximum (14) in locus LEI 120 and LEI 82, and a minimum (4) in LEI 90, MCW 84 and LEI 174. The minimum effective number of alleles was found to be 1.8 in HUI 002 (Table 4). The microsatellite loci used in the study were hypervariable and to test the deviation from Hardy-Weinberg proportions, Exact test (Guo and Thompson, 1992; Charkraborty and Zhong, 1994) was employed. The analysis revealed 15 out of 26 microsatellite loci deviated from Hardy Weinberg proportions. The observed heterozygosity was less than the expected heterozygosity in 20 of the 26 loci. The mean overall heterozygosity over all loci was quite high (0.602) as compared to the commercial

strains of poultry, which is usually 0.54 and 0.26 for broiler and layers respectively (Croojmans *et al.*, 1996). The mean F_{IS} value was found to be 0.191, which was significantly different from zero. This suggests that the Punjab Brown population is a closed population with little gene flow. The deviation from the Hardy-Weinberg equilibrium can be attributed to non-random mating among the individuals of the population and or due to selection. The Ewens Watterson test of Neutrality (Watterson, 1978) revealed 24 out of 26 loci to be neutral and thus selection as the cause of a decrease in observed heterozygosity is ruled out. Thus the only plausible reason for the difference between observed and expected heterozygosity is non-random mating among the individuals of the population.

To test the null hypothesis of mutation drift equilibrium, three quantitative tests viz. Sign, Standardized difference and Wilcoxon Rank (Cornuet and Luikart, 1996) were applied using all three models of



Figure 5. Punjab Brown chickens in front of enclosure.

Table 4. Number of alleles, heterozygosity and Fis.

Locus	No. of observations	No. of alleles observed	Effective no. of alleles	Allele size	Observed heterozygosity	Expected heterozygosity	PIC	Fixation Index (Fis)	Wright's
HUJ002	84	5	1.7827	121-137	0.3810	0.4443	0.4391	0.1323	
HUJ003	88	8	4.6538	147-182	0.8636	0.7941	0.7851	-0.1000	
LEI120	88	14	7.5922	274-314	0.6591	0.8783	0.8683	0.2409	
LEI122	86	8	4.6869	285-301	0.6047	0.7959	0.7866	0.2314	
LEI147	62	11	6.3642	255-285	0.2903	0.8567	0.8429	0.6556	
LEI155	88	7	3.7924	92-104	0.9545	0.7448	0.7363	-0.2964	
LEI164	88	9	3.9111	255-263	0.4545	0.7529	0.7443	0.3893	
LEI166	88	5	3.3236	230-263	0.5000	0.7072	0.6991	0.2848	
LEI174	88	11	4.4506	290-304	0.5455	0.7842	0.7753	0.2965	
LEI174	88	6	3.4883	301-313	0.5227	0.7215	0.7133	0.2672	
LEI80	86	8	6.7359	185-207	0.8605	0.8616	0.8515	-0.0105	
LEI82	86	14	4.2751	246-284	0.8140	0.7751	0.7661	-0.0625	
LEI90	88	4	2.0135	204-214	0.4091	0.5091	0.5034	0.1873	
LEI98	88	8	2.3740	152-168	0.5909	0.5854	0.5788	-0.0210	
MCW176	66	8	4.5756	257-270	0.1212	0.7935	0.7815	0.8449	
MCW213	82	8	5.0030	290-316	0.7073	0.8100	0.8001	0.1160	
MCW217	86	9	3.5489	149-175	0.6512	0.7267	0.7182	0.0934	
MCW228	86	11	5.6286	218-248	0.7907	0.8320	0.8223	0.0385	
MCW250	84	8	4.3717	222-236	0.4762	0.7806	0.7713	0.3826	
MCW261	82	8	5.3112	243-257	0.8537	0.8217	0.8117	-0.0517	
MCW262	88	9	5.2752	61-77	0.9773	0.8197	0.8104	-0.2059	
MCW266	88	7	3.7159	159-187	0.7045	0.7393	0.7309	0.0360	
MCW305	64	9	3.4020	258-268	0.0938	0.7173	0.7061	0.8672	
MCW317	82	11	7.4711	229-255	0.8049	0.8768	0.8662	0.0707	
MCW328	82	8	4.3776	249-263	0.5122	0.7811	0.7716	0.3362	
MCW84	88	4	2.9854	93-99	0.5000	0.6727	0.665	0.2482	
Mean	83.61	8.38	4.4270	-	0.6017	0.7532	0.7441	0.1914	



Figure 6. Hen brooding chicks.

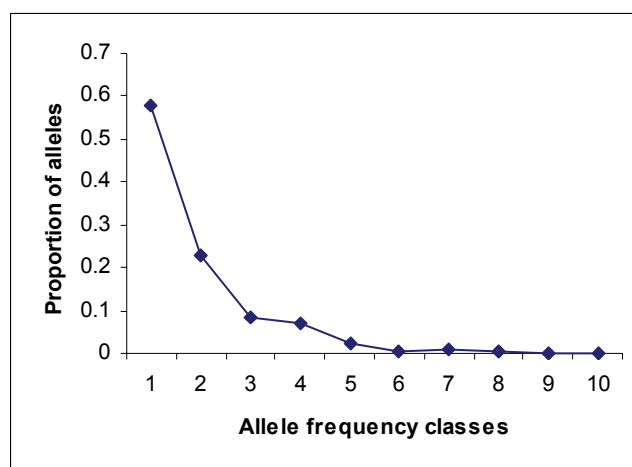


Figure 7. Normal L-shaped curve of alleles (proportion and frequency) in the Punjab chicken.

Table 5. Test for Null Hypothesis under three microsatellite evolution models.

Test		Model of microsatellite evolution		
		IAM	TPM	SMM
Sign Test (No. of loci with heterozygosity excess)	Expected	15.49	15.44	15.27
	Observed	22*	19	6
Standardized differences test (T_2 values)		3.401*	0.499	-5.323
Wilcoxon Rank Test (Probability of heterozygosity Excess)		0.00001*	0.15158	0.99853

*Bottleneck (rejection of null hypothesis of mutation drift equilibrium).

microsatellite evolution. The Infinite Allele Model (IAM) revealed heterozygosity excess and rejected the null hypothesis. The null hypothesis was accepted for both two-phase model (TPM) and stepwise mutation model (SMM). The values for these tests are given in **Table 5**. The TPM and SMM are the most suitable models for microsatellite evolution and the population can be considered in mutation drift equilibrium. The mode shift graphical test (Luikart *et al.*, 1998) also accepted the null hypothesis and the population showed normal L shaped distribution (**Figure 7**). Thus, the Punjab Brown has not experienced any recent genetic bottleneck.

List of References

- Acharya R.M. & P.N. Bhat.** 1984. Livestock and poultry genetic resources in India. Research Bulletin No 1, IVRI, Izatnagar, U.P., India.
- Annual Report.** 2001-02. Central Avian Research Institute, Izatnagar, U.P., India, pp. 10
- Ayyagari V.** 2000. Conservation and management of genetic resources of poultry. The Indian Journal of Animal Genetics and Breeding, 22: 206-211.
- Bhat P.N., P.P. Bhat, B.U. Khan, O.B. Goswami & B. Singh.** 1981. Animal Genetic Resources in India. Publication no. 192, NDRI, Karnal, Haryana, India.
- Chakraborty R. & Y. Zhong.** 1994. Statistical power of an exact test of Hardy-Weinberg proportions of genotypic data at a multi-allelic locus. Human Heredity, 44: 1-9.
- Cornuet J.M. & G. Luikart.** 1996. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. Genetics, 144: 2001-14.
- Cornuet J.M. & G. Luikart.** 1999. Bottleneck:Version 1.2.02. A software program for detecting recent effective population size reductions for allele data frequencies. Available at: www.ensam.inra.fr/URLB/bottleneck/bottleneck.html.
- Crooijmans R.P.M.A., A.F. Groen, A.J.A. van Kampen, S. van der Beek, J.J. van der Poel & M.A.M. Groenen.** 1996. Microsatellite polymorphism in commercial broiler and layer lines estimated using pooled blood samples. Poultry Science, 75: 904-9.
- Guo S.W. & E.A. Thompson.** 1992. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles. Biometrics, 48: 361-72.
- Luikart G., F.W. Allendorf, J.M. Cornuet & W.B. Sherwin.** 1998. Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. Journal of Heredity, 89: 238-47.
- Mahapatra S.C. & B. Panda.** 1981. Poultry Genetic Resources of India. Poultry Industry Yearbook: 50-58.
- Padhi M.K., S.P.S. Ahlawat, S. Senani, S.K. Saha & A. Kundu.** 2004. Comparative evaluation of White Leghorn, Brown Nicobari and their crossbred in Andaman & Nicobar Islands. Indian Journal of Animal Sciences, 74: 557-558.
- Raymond M. & F. Rousset.** 1995. Genepop software Version 3.4 <http://wbiomed.curtin.edu.au/genepop/index.html>.
- Sambrook J., E.F. Fritsch & T. Maniatis.** 1989 Molecular Cloning: A Laboratory Manual 2nd ed, Cold spring Harbour, Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Singh D.P. & D.C. Johari.** 2000. Conservation and management of poultry genetic resources of India. The Indian Journal of Animal Genetics and Breeding, 22: 195-205.

.....

Singh R. & D.P. Singh. 2000. Poultry genetic resources of India and their role in future poultry production. Chapter 26. In: Domestic Animal Biodiversity - Conservation and Sustainable Management, R. Sahai & R.K.Vijh (Eds). S.I. Publications, Karnal, pp. 256-262.

Watterson G.A. 1978. The homozygosity test of neutrality. *Genetics*, 88: 405-17.

Yeh F.C., T. Boyle, Y. Rongcai, Z. Ye & J.M. Xian. 1999. POPGENE version 3.1; www.ualberta.ca/~fyeh/fyeh.

.....

Genetic differentiation of Indian camel (*Camelus dromedarius*) breeds using random oligonucleotide primers

S.C. Mehta¹, B.P. Mishra² & M.S. Sahani¹

¹National Research Centre on Camel, **Bikaner** 334001, India

²National Bureau of Animal Genetic Resources, **Karnal** 132001, India

Summary

The camel population in India is facing a severe decline which demands that immediate steps are taken to ensure its conservation. Characterisation is an integral part of the conservation program. The Polymerase Chain Reaction-Randomly Amplified Polymorphic DNA profile of unrelated camels of the Bikaneri (29), Jaisalmeri (30) and Kachchhi (18) breeds were analyzed. Reproducible polymorphic bands with varying frequencies among the three breeds of camel were obtained with five oligonucleotide primers. A total of 75 bands were amplified, of which 27 (36%) were polymorphic. The probability of obtaining identical fingerprints was observed to be the lowest in primer GC-10 (5.7%) followed by OP-08 (8.7%), GT-10 (11.3%), G-2 (15.5%) and G-1 (80%). Breed informative bands were amplified. The maximum genetic variability was observed in the Bikaneri (0.80 ± 0.05) followed by the Kachchhi (0.84 ± 0.06) and the Jaisalmeri (0.87 ± 0.05) breeds. The inter-breed genetic distance estimates indicated a closer relationship in the Bikaneri-Kachchhi camels, (0.075), followed by the Jaisalmeri-Kachchhi (0.106) and Bikaneri-Jaisalmeri (0.132) breeds. A similar genetic relationship was observed when the degree of population subdivision was measured between the Bikaneri-Kachchhi (0.529), Jaisalmeri-Kachchhi (0.558) and Bikaneri-Jaisalmeri (0.566) breeds.

Resumen

La población de camélidos en la India se enfrenta con un declive importante que requiere iniciar con una rápida intervención en vistas de su conservación. Un parte integral del programa de conservación está representado por la caracterización. Se ha analizado el perfil de ADN polimórfico amplificado casualmente de la cadena de reacción de polimerasa en camélidos sin relación tales las razas Bikaneri (29), Jaisalmeri (30), y Kachchhi (18). Las bandas polifórmicas reproducibles con frecuencias variantes entre las tres razas we obtuvieron con cinco oligonucleotidos primarios. Un total de 75 bandas fueron amplificadas, de las cuales 27 (el 36%) resultaron polimórficas. La probabilidad de obtener huellas idénticas fue inferior en el primer GC-10 (5,7%), seguido por OP-08 (8,7%), GT-10 (11,3%), G-2 (15,5%) y G-1 (80%). Las bandas de información de raza fueron amplificadas. El máximo de variabilidad genética se observó en la raza Bikaneri ($0,80 \pm 0,05$) seguida por la raza Kachchhi ($0,85 \pm 0,06$) y la Jaisalmeri ($0,87 \pm 0,05$). La distancia genética estimada entre razas indica una relación estrecha entre las razas Bikaneri y Kachchhi (0,075), seguida por Jaisalmeri-Kachchhi (0,106) y Bikaneri-Jaisalmeri (0,132). Se observó una relación genética similar cuando el grado de subdivisión de la población fue medido entre Bikaneri-Kachchhi (0,529), Jaisalmeri-Kachchhi (0,558) y Bikaneri-Jaisalmeri (0,566).

Keywords: Characterisation, RAPD, Camelus

dromedaries, Statistical analysis, Genetic distance, Similarities.

Introduction

Conservation of livestock species is a matter of global concern. The characterisation of livestock breeds at the phenotypic and molecular genetic level has become essential to establish the current status of the different livestock species and breeds available in different agro-climatic zones of the country and the world. India had the third highest camel population in the world until 1999, but due to a severe decline in the camel population since then it has slipped to sixth position (FAOSTAT data, 2005). The population of camels in India numbers 632 000. Rajasthan state has the highest population of 498 000 followed by Gujarat with 53 000 and Madhya Pradesh with 8 000. There has been 29.65% decline in the overall population in the last five years (Livestock Census, 2003). This is an alarming situation requiring immediate attention to ensure conservation of the breeds. India has four main breeds of camel, these being the Bikaneri, Jaisalmeri, Kachchhi and Mewari. The Bikaneri breed is well known for the draught potential whereas the Jaisalmeri breed is known for race potential and long distance travel. The camels of the Bikaneri and Jaisalmeri breeds are adapted to the climatic conditions of the *Thar* desert where the temperature gets very high during the summer and very low in winter. The Mewari breed is known for the production of milk and is adapted to the hilly terrains of the *Mewar* area in Rajasthan. The Kachchhi breed has a medium level of milk production and draught capabilities, and is adapted to the marshy land of the Ran of Kachchh in Gujarat state (Rathore, 1986).

The phenotypic characteristics of different camel breeds have been already described (Rathore, 1986). Significant differences exist

between the breeds in the production of hair (Sahani *et al.*, 1996), milk (Sahani *et al.*, 1998), draught potential and speed and stride (Rai *et al.*, 1992) etc. However, no significant breed differences could be detected by cytogenetic (Sahai and Vijh, 1993) and biochemical studies (Tandon *et al.*, 1997a, b; Tandon, 1998).

PCR-RAPD (Polymerase Chain Reaction, Randomly Amplified Polymorphic DNA) has the potential to distinguish between strains of almost any organism without prior knowledge of its DNA sequence utilizing short random primers of arbitrary sequences (Welsh & McClelland, 1990; Williams *et al.*, 1990). It has been used to distinguish strains of mouse (Welsh *et al.*, 1991), breeds of cattle (Kemp & Teale, 1992; Chung *et al.*, 1995) and sheep (Kantanen *et al.*, 1995), lines and breeds of chicken (Plotsky *et al.*, 1995), meat of different species (Min *et al.*, 1996) and for the detection of genetic variation in camel (Shereif and Alhadrami, 1996; Mishra *et al.*, 1998). PCR-RAPD was therefore used in the present investigation to study the genetic variation within Indian camel breeds and to estimate the genetic distances between them.

Materials and Methods

Camel (*Camelus dromedarius*)

Blood samples were collected from the Bikaneri (Figure 1), Jaisalmeri (Figure 2) and Kachchhi (Figure 3) camels maintained at the National Research Centre for Camels (NRCC) in Bikaner, India. The Centre maintains ~270 camels, Bikaneri (~120 camels), Jaisalmeri (~100 camels) and Kachchhi (~50 camels). Pedigree records are available since the year 1960. Almost every fourth year breeding males were procured from the breeding tracts of the respective breeds to avoid inbreeding in the centre's herd. The DNA was isolated using the method utilized by Davis *et al.*, (1986).

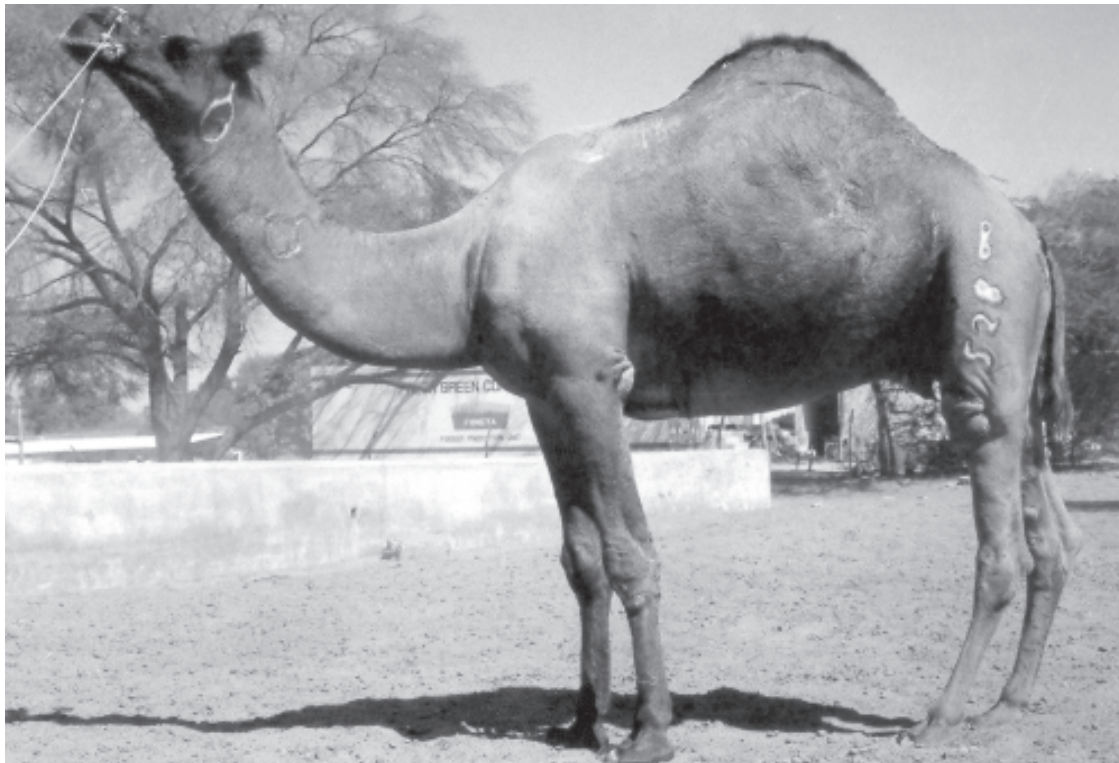


Figure 1. Adult Bikaneri male camel.

PCR-Random Amplification of Polymorphic DNA

The PCR amplification reactions were carried out in 50 μ l reaction volume in 0.5 ml thin walled PCR tubes. The composition of PCR reaction was template DNA ~100 ng, primer ~5.0 pmol, each dNTP- 2.5 mM, *Taq* DNA polymerase- 2.5 U, *Taq* polymerase buffer 10X- 5.0 ml (10 mM pH 9.0 Tris HCl, 1.5 mM MgCl₂, 50 mM KCl and 0.01% gelatin). The PCR cycling conditions comprised initial denaturising at 94°C for 5 minutes, followed by 40 cycles of 94°C for one minute, 36°C for 45 seconds and 72°C for one minute. Final extension was carried out for five minutes at 72°C.

A total of six arbitrary short oligonucleotide primers reported to be informative in camel (Shereif and Alhadrami, 1996; Mishra, 1998) were used. The primer sequences were G-1 (5' GTG ACG TAG G 3'), G-2 (5' TCG CGA GCT G 3'), GC-10 (5'GCC GTC CGA G 3'), GT-10

(5' GTG ATC GCA G 3'), OP-08 (5' GTC CAC ACG G 3') and C-7 (5' GCG AGC GTC CC 3').

Statistical analysis

Standard statistical analysis was used for analysing the PCR -RAPD data to obtain the RAPD characteristics with reference to the average number of bands (ϵ) and standard error (Nei and Li, 1979; Wetton, 1987; Lynch, 1990), the mean population frequency of a band (q) (Jeffreys and Morton, 1987), the mean probability for a band to be present in the heterozygous state (h) (Georges *et al.*, 1988), the probability that all bands of animal x are also present in animal y (but later may have additional bands) (Pg) (Morsch and Leibenguth, 1994) and the probability of two camels exhibiting identical fingerprints (no additional bands) (Pi) (Morsch and Leibenguth, 1994). The within breed similarity as band frequency (W^f) and

Table 1. PCR-RAPD profile and frequency distribution of RAPD alleles in the polymorphic loci among different camel breeds.

Primer	Number of bands		Polymorphic bands and their frequencies			
	Total	Size range (kb)	Size (kb)	Bikaneri	Jaisalmeri	Kachchhi
GT-10	17	0.40-3.10	1.51	0.14	0.37	0.24
			1.02	0.64	0.83	0.35
			0.93	0.64	0.97	0.94
			0.87	0.64	0.40	0.94
			0.67	0.00	0.43	0.29
			0.50	0.04	0.93	0.18
			0.41	0.75	0.97	0.94
GC-10	15	0.60-2.90	1.45	0.21	0.04	0.22
			1.32	0.10	0.43	0.06
			1.24	0.83	0.61	0.61
			1.00	0.21	0.04	0.22
			0.95	0.72	0.82	0.94
			0.83	0.03	0.32	0.22
			0.77	0.17	0.18	0.11
G-2	18	0.30-3.30	0.71	0.24	0.54	0.17
			2.19	0.75	0.67	0.81
			2.00	0.42	0.17	0.75
			1.07	0.54	0.50	1.00
			0.48	0.04	0.71	0.19
OP-08	16	0.60-3.50	0.36	0.25	0.71	0.19
			2.51	0.86	0.83	0.67
			1.17	0.80	1.00	0.83
			1.08	0.07	0.92	0.25
			1.00	0.47	0.50	0.67
G-1	9	0.57-2.00	0.82	0.47	0.42	0.67
			0.80	0.67	0.67	0.83
C-7	3	0.80-2.00	0.57	0.33	0.00	0.00
			0.00	-	-	-

band sharing rate (W^s), between breed similarity as band frequency (B^f) and band sharing rate (B^s) (Kuhnlein *et al.*,1989), the genetic distances based on band frequency (D^f) and band sharing rate (D^s) (Kuhnlein *et al.*,1989), the population subdivision index S_{ij} (Lynch,1990) and the modified Wright's index F_{ST} of population subdivision (Lynch,1991) were calculated to estimate the genetic variation in the populations and genetic distances between them.

Results and Discussion

RAPD Polymorphism

The PCR-RAPD profile of camel genomic DNA with the primers used along with the number and size range of the bands scored are presented in table 1. The primers, GT-10, GC-10, G-2, OP-08 and G-1 amplified a total of 75 bands, of which 27 (36%) were polymorphic. The proportion of the

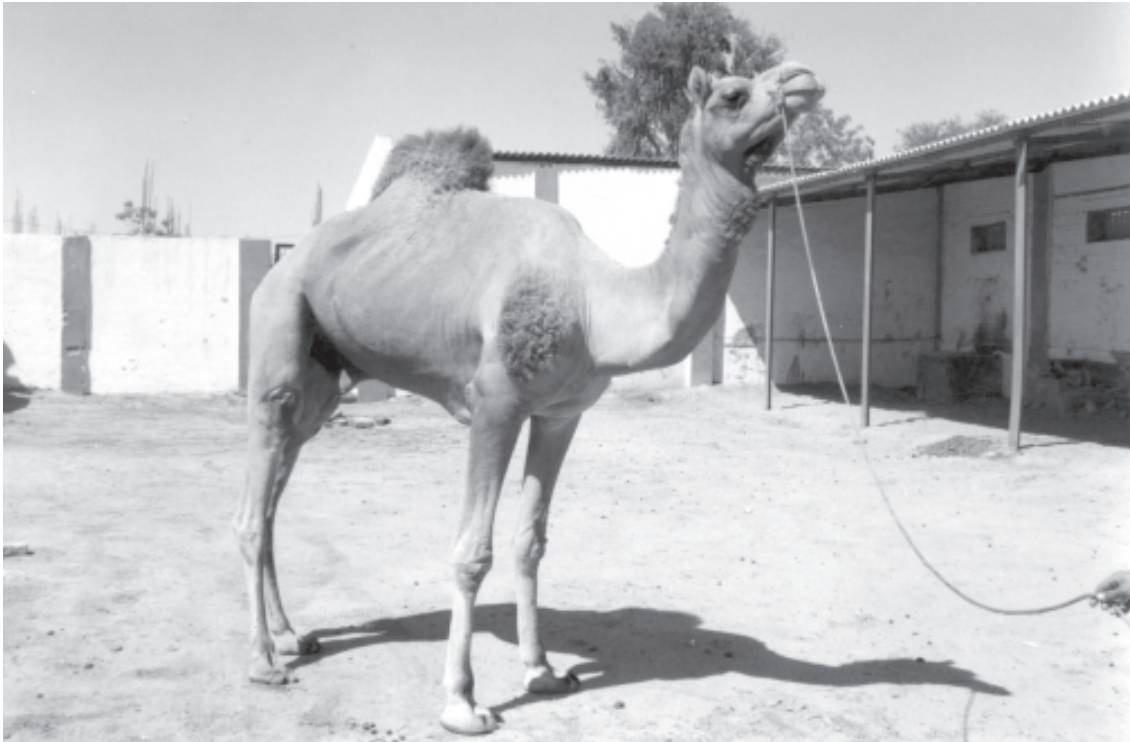


Figure 2. Adult Jaisalmeri male camel.

polymorphic bands was the highest with the primer GC-10 (53.33%) followed by GT-10 (41.18%), OP-08 (37.5%), G-2 (27.78%) and G-1 (11.11%). Since the RAPD technique is known to be sensitive to the amplification parameters (Williams *et al.*, 1993), the amplifications were repeated for a total of 54 samples spread over all primer-breed combinations.

Highly reproducible RAPD patterns were obtained in all combinations with the camel genome under precise conditions. The reproducibility of RAPD patterns in camel populations/breeds has also been reported by Shereif and Alhadrami (1996) and Mishra *et al.* (1998).

A varying number of scorable bands (3-18) were amplified in the three breeds of camel. The average number of bands and the degree of polymorphism differed significantly with the primer as well as with the breed (Table 1). Since RAPD markers have been shown to follow Mendelian inheritance and are dominant-recessive (Williams *et al.*, 1990; Kemp and Teale, 1992;

Rothuizen and Wolferen, 1994, Elo *et al.*, 1997; Liu *et al.*, 1998), the presence of a band in an individual indicates the presence of at least one dominant allele, while absence indicates homozygosity for recessive alleles (Wei *et al.*, 1997).

The analysis of RAPD patterns for breed differentiation was carried out considering only the clearly resolved bands. The primers GT-10 and OP-08 amplified a total of 17 and 16 bands, respectively. Shereif and Alhadrami (1996) used the above two primers and reported amplification of 4-16 DNA bands in the size range of 0.3~2 kb in association with five other decamer primers. The present results are quite consistent with that of Shereif and Alhadrami (1996) except for the size range of 0.3~3.5 kb. This could be either due to the differences in resolution under the 5% vertical non-denaturing polyacrylamide gel electrophoresis used in the previous study and the 1% horizontal agarose gel electrophoresis used in the present study or due to differences in the breeds. PCR-RAPD

Table 2. Data from PCR-RAPD of camel breeds from five oligonucleotide primers.

Primer	Breed	n	$\epsilon \pm SE$	N	q	h	P_g	P_i
GT-10	Bikaneri	28	12.86 \pm 0.28	13.98	0.72	0.44	0.34	0.108
	Jaisalmeri	30	14.90 \pm 0.17	16.02	0.74	0.41	0.34	0.107
	Kachchhi	17	13.88 \pm 0.26	14.92	0.74	0.41	0.37	0.125
GC-10	Bikaneri	29	9.52 \pm 0.25	10.82	0.65	0.52	0.30	0.077
	Jaisalmeri	28	9.96 \pm 0.42	11.58	0.63	0.54	0.22	0.041
	Kachchhi	18	9.83 \pm 0.32	11.30	0.64	0.53	0.25	0.055
G-2	Bikaneri	24	14.96 \pm 0.24	16.09	0.74	0.41	0.34	0.106
	Jaisalmeri	24	15.75 \pm 0.23	16.94	0.74	0.41	0.32	0.094
	Kachchhi	16	15.94 \pm 0.06	16.60	0.80	0.33	0.52	0.265
OP-08	Bikaneri	15	13.33 \pm 0.23	14.49	0.72	0.44	0.33	0.099
	Jaisalmeri	12	14.33 \pm 0.19	15.41	0.74	0.41	0.35	0.117
	Kachchhi	12	14.08 \pm 0.26	15.64	0.68	0.48	0.23	0.045
G-1	Bikaneri	12	8.33 \pm 0.14	8.77	0.78	0.36	0.65	0.417
	Jaisalmeri	12	9.00 \pm 0.00	9.00	1.00	0.00	1.00	1.00
	Kachchhi	12	9.00 \pm 0.00	9.00	1.00	0.00	1.00	1.00

n: Sample size, X: Average number of bands, SE: Standard error, ϵ : Number of judged positions; q: Mean population frequency of a band; h: Mean probability for a band to be present in heterozygous state; P_g : Probability that all bands of animal x are also present in animal y; P_i : Probability of obtaining identical fingerprints.

of indigenous camel breeds amplified 5 to 15 bands with the same primers (Annual Report, NRCC, 1997-1998), which is similar to the number of bands amplified (3-18) in the present investigation.

RAPD characteristics

The RAPD patterns of three camel breeds were characterised by distinguishable polymorphic bands in the size range of 0.36 to 2.51 kb (Table 1). The characteristics of RAPD patterns for the camel breeds from five oligonucleotide primers are presented in table 2. The mean population frequency of a band (q) was found to vary with the primer. The lowest value of q was observed for the three camel breeds in the primer GC-10 (0.64) followed by primer OP-08 (0.71), GT-10 (0.73), G-2 (0.76) and G-1 (0.93). Accordingly, the mean heterozygosity was the highest in the primer GC-10 followed by

rest of the primers in same sequence. The average band sharing rate (P_b) was observed to be very high (0.92, 0.93 and 0.93) in the three camel breeds, which is in agreement with the findings of Shereif and Alhadrami, (1996). The higher values of the average band sharing rate (0.92-0.93) and the mean population frequency of a band (0.63-1.00) with low levels of heterozygosity (0.00 to 0.54) indicated reduced variability of the RAPD marker loci in the three breeds of camel. This might be due to the limited genetic variability in the species. The probability of two random camels exhibiting identical fingerprints (P_i) was observed to be lowest (4.1×10^{-2}) in the Jaisalmeri breed with primer GC-10. Pooled over breeds, the primer GC-10 was found to give the lowest P_i value (5.7×10^{-2}). Hence, the above primer could be of great use in establishing individual identity and differentiating the camel breeds.

Breed specific/Informative bands

All five primers generated RAPD patterns, which could be used to discriminate between the three breeds of camel (Table 1). The amplification of a DNA band having significantly less frequency (<0.10) in one breed and a very high frequency (>0.90) in other breed(s) could be of considerable use in distinguishing the camel breeds. The primer GT-10 amplified two bands (0.67 kb and 0.50 kb) with variable breed specificity. The 0.67 kb band was not scored in all camels belonging to the Bikaneri breed, whereas it was present with the frequency of 0.43 and 0.29 in the Jaisalmeri and Kachchhi breeds, respectively. The 0.50 kb band was observed with a frequency of only 0.0357 in the Bikaneri breed, whereas it was present with a very high frequency (0.93) in the Jaisalmeri but with a relatively low frequency (0.18) in Kachchhi breed indicating probable specificity for the Jaisalmeri breed.

The primer GC-10 revealed the highest polymorphism among the primers used,

which demonstrated four breed informative bands as the differences in the frequencies of these bands among the three breeds were not sufficient to designate them as breed specific. The 1.45 kb band had a frequency of only 0.04 in the Jaisalmeri breed as compared to 0.21 and 0.22 in the Bikaneri and Kachchhi breeds, respectively. The 1.32 kb band was observed in the Kachchhi breed with a very low frequency of 0.06, whereas this band was present with the frequencies of 0.43 in the Jaisalmeri and 0.10 in the Bikaneri. The 1.00 kb band had exactly the same frequency as that of the 1.45 kb fragment in the three breeds.

These frequencies were traced back to the camels in respective breeds and it was observed that in the Bikaneri and Jaisalmeri breeds the same camels exhibited the 1.45 kb and 1.00 kb fragments indicating the probable existence of a linkage between the two loci. However, in the Kachchhi breed, the camels exhibiting the 1.45 kb fragment were different from those exhibiting the 1.00 kb fragment, which was probably due



Figure 3. Adult Kachchhi male camel.

to segregation in this breed. The 0.83 kb fragment was observed with a frequency of only 0.03 in the Bikaneri, whereas it was observed with a frequency of 0.32 and 0.22 in the Jaisalmeri and Kachchhi breeds, respectively.

In primer G-2, the 0.48 kb band was present with a frequency of 0.71 in the Jaisalmeri breed as compared to 0.04 in the Bikaneri and 0.19 in the Kachchhi breed. In primer OP-08, a fragment of 1.08 kb had the frequency of 0.92 in Jaisalmeri, 0.07 in Bikaneri and 0.25 in Kachchhi camels. Primer G-1 amplified only one polymorphic band of 0.57 kb size, which was present only in the Bikaneri breed with a frequency of 0.33.

The frequencies of RAPD alleles in the Kachchhi breed presented an interesting feature. Except for the 1.07 kb band in primer G-2, most of the bands which exhibited probable specificity for the Bikaneri or Jaisalmeri breed were present with the frequency of about 0.2 in the Kachchhi breed.

Within-breed genetic similarity

Within-breed genetic similarity was estimated as band frequency (W^f) and band sharing (W^s) for the three breeds (Table 3). The Jaisalmeri breed exhibited the highest within-breed similarity, pooled over primers, with band frequencies of 0.87 ± 0.05 and band sharing of 0.93 ± 0.02 . This degree of similarity within the Jaisalmeri breed was observed in all primers, except G-2, when considered individually and estimated as band frequency.

The Kachchhi camels exhibited less genetic similarity as compared to the Jaisalmeri when estimated as band frequency (0.84 ± 0.06) and band sharing (0.93 ± 0.02) with pooled over primers and when primers were considered individually and estimated as band frequency. The lowest within-breed similarity among the three breeds of camel was observed in the Bikaneri breed as

0.80 ± 0.05 (band frequency) and 0.92 ± 0.01 (band sharing).

This within-breed genetic similarity reflects the history of breeding, selection and population size of the concerned genetic group. In the present study the within-breed genetic similarity was of a very high order. The genetic variability exhibited was the highest in the Bikaneri breed followed by the Kachchhi and Jaisalmeri breeds, which could be attributed to the difference in the population of the breeds in their respective breeding tracts. The population of camels in the breeding tract of the Bikaneri, Jaisalmeri and Kachchhi breeds was 239 000, 127 000 and 53 000 respectively (Livestock Census, 2003). Shereif and Alhadrami, (1996) reported a higher genetic similarity based on band frequency in a local camel breed of U.A.E. Higher within breed similarity was also expected from the observed lack of intrabreed variation in cytogenetic (Sahai and Vijh, 1993) and biochemical studies (Tandon *et al.*, 1997a, b; Tandon, 1998).

Between-breed genetic similarity

Of the five random oligonucleotide primers, four (GC-10, GT-10, G-2 and OP-08) were used for the estimation of between-breed genetic similarities as they amplified at least one polymorphic band in each of the three breeds. The primer G-1 did not amplify any polymorphic band between the Jaisalmeri and Kachchhi breeds and thus it was excluded from further analyses (Table 1).

The between-breed genetic similarity was estimated as band frequency (B^f) and band sharing (B^s) based on the method described by Kuhnlein *et al.* (1989). It is evident from the genetic similarity data of each primer that Bikaneri-Kachchhi exhibited highest between-breed similarity followed by Jaisalmeri-Kachchhi and Bikaneri-Jaisalmeri in terms of B^f and B^s . The pooled primer information verified identical relationships between breeds in both types of estimates (B^f and B^s). The overall between-breed

Table 3. Within breed similarity estimated as band frequency (W^f) and band sharing (W^s) in three breeds of camel from five oligonucleotide primers.

Breed	Similarity estimates	Primer					Pooled
		GT-10	GC-10	G-2	OP-08	G-1	
Bikaneri	W^f	0.76	0.63	0.83	0.83	0.93	0.80±0.05
	W^s	0.92±0.004	0.88±0.008	0.93±0.003	0.92±0.004	0.97±0.004	0.92±0.01
Jaisalmeri	W^f	0.88	0.67	0.88	0.9	1.00	0.87±0.05
	W^s	0.93±0.003	0.86±0.009	0.93±0.003	0.93±0.003	1.00±0.000	0.93±0.02
Kachchhi	W^f	0.82	0.64	0.89	0.87	1.00	0.84±0.06
	W^s	0.93±0.003	0.87±0.008	0.96±0.002	0.90±0.005	1.00±0.000	0.93±0.02

Table 4. Between breed genetic similarity, Genetic distance and Population subdivision among three camel breeds.

Primer	Breed	Genetic similarity ¹			Genetic distance ²			Population subdivision ³		
		Bikaneri	Jaisalmeri	Kachchhi	Bikaneri	Jaisalmeri	Kachchhi	Bikaneri	Jaisalmeri	Kachchhi
Pooled primers	Bikaneri	-	0.879	0.929	-	0.132	0.075	-	0.978	0.990
	Jaisalmeri	0.890	-	0.901	0.025	-	0.106	0.566	-	0.980
	Kachchhi	0.904	0.894	-	0.011	0.022	-	0.529	0.558	-

¹Above diagonal : as band frequency (B), Below diagonal: as band sharing rate (B^s).

²Above diagonal: as band frequency (D^f), Below diagonal: as band sharing rate (D^s).

³Above diagonal: S_{ij} (Lynch,1990), Below diagonal: F_{ST} (Lynch,1991).

genetic similarity is of very high order and it indicates low levels of genetic variation among the three breeds of camel (Table 4).

Genetic distance between breeds

Genetic distance between the three breeds of camel was estimated using four primers for the reasons explained above. The genetic distance estimates pooled over primers indicated the lowest genetic distance between Bikaneri-Kachchhi ($D^f=0.0745$, $D^s=0.011$) followed by Jaisalmeri-Kachchhi ($D^f=0.1060$, $D^s=0.0220$). The Bikaneri-Jaisalmeri breeds had the highest genetic distance ($D^f=0.1315$, $D^s=0.0245$) among the breed pairs studied (Table 4).

Estimation of genetic similarity within and between breeds and genetic distance among different breeds of livestock is an important application of the DNA based genetic markers. The above information is of immense importance in breed characterisation and conservation studies as well as in selection programmes as it is essential for efficient sampling and utilization of germ plasm resources and for making decisions regarding choice of parents (Smith *et al.*, 1990; Nienhuis and Sills, 1992). In the present investigation, two measures of genetic relatedness i.e. genetic similarity and genetic distance were estimated as band frequency and band sharing.

The within breed similarity estimated as band frequency (0.63-1.00) showed a much greater variability than band sharing (0.86-1.00), though both estimates revealed higher within breed genetic similarity in camel breeds. The between breed genetic similarity estimated as band frequency (0.803-0.959) and band sharing (0.860-0.935) indicated close relationships among the camel breeds. The genetic distance, which is the second measure of genetic relatedness among the camel breeds, when measured as band frequency, presented a wider range relatively (0.042-0.219) as compared with the band sharing estimates (0.001-0.042). The band frequency estimates can therefore be

considered as better measures of the genetic relatedness within and between breeds.

Population subdivision

The three camel populations were considered as three sub-populations of a single breed and the degree of subdivision was measured as S_{ij} (Lynch, 1990) and F_{ST} (Lynch, 1991). The pooled over primers differences among the S_{ij} values of the three breeds (0.978, 0.98 and 0.99) were observed to be very small. However, when the population subdivision was estimated by the modified Wright's index of F_{ST} values the differences among the three populations (0.529, 0.558 and 0.566) widened (Table 4).

The values of S_{ij} per primer were in the range of 0.962-0.999, which indicated that the tested sub-populations are nearly homogeneous. It was considered that the similarity index might underestimate the population heterozygosity, especially if alleles are rare (Lynch, 1991). The modified Wright's index of population subdivision (F_{ST}) was therefore used. The values obtained were in the range of 0.511-0.608, which indicated an existence of heterozygosity among the three camel populations/breeds.

Thus, the PCR-RAPD technique could discern the underlying genetic variation among Indian camel breeds which was otherwise difficult to quantify (Sahai and Vijn, 1993; Tandon *et al.*, 1997a, b; Tandon, 1998). Due to automation, ease, cost effectiveness and capability to estimate the genetic distance and other related parameters in Indian camel breeds, the technique could be utilized for the characterisation of camel populations which in turn might act as backbone for *in situ* conservation of different camel breeds whose populations are facing a severe decline.

List of References

Annual Report. 1997-1998. National Research Centre on Camel, Bikaner.

- Chung E.R., W.T. Kim & S.K. Han.** 1995. Analysis of DNA polymorphisms and genetic characteristics in Holstein dairy cattle using RAPD-PCR technique. *Korean Journal of Animal Science* 37, 455-466.
- Davis L.G., M.D. Dibner & J.F. Batley (Eds.).** 1986. *Basic Methods in Molecular Biology*. Elsevier Science, New York, pp. 44-46.
- Elo K., S. Ivanoff, J.A. Vuorinen, & J. Piironen.** 1997. Inheritance of RAPD markers and detection of interspecific hybridization with brown trout and Atlantic Salmon. *Aquaculture* 152, 55-65.
- FAOSTAT.** 2005. <<http://faostat.fao.org/faostat/collections?subset=agriculture>>.
- Georges M., A.-S. Lequarri, M. Castelli, R. Hanset & G. Vassart.** 1988. DNA fingerprinting in domestic animals using four different minisatellite probes. *Cytogenetics and Cell Genetics*, 47, 127-131.
- Jeffreys A.J. & D.B. Morton.** 1987. DNA fingerprints of dogs and cats. *Animal Genetics* 18, 145-155.
- Kantanen J., J. Vilkki, K. Elo, & A. Mäki-Tanila.** 1995. Random amplified polymorphic DNA in cattle and sheep: application for detecting genetic variation. *Animal Genetics* 26, 315-320.
- Kemp S.J. & A.J. Teale.** 1992. Random amplified DNA polymorphism (RAPDs) and pooled DNA in bovine genetic studies, *Animal Genetics*, 23, suppl. 1, 62.
- Kuhnlein U., Y. Dawe, D. Zadwoeny & J.S. Gavora.** 1989. DNA fingerprinting: a tool for determining genetic distances between strains of poultry. *Theoretical and Applied Genetics*, 77, 669-672.
- Livestock Census.** 2003. 17th Livestock Census, Department of Agricultural Research and Education, Ministry of Agriculture, Government of India.
- Liu Z., P. Li, B.J. Argue & R.A. Dunham.** 1998. Inheritance of RAPD markers in channel catfish (*Ictalurus punctatus*), blue catfish (*I. furcatus*) and their F₁, F₂ and backcross hybrids. *Animal Genetics*, 29, 58-62.
- Lynch M.** 1990. The similarity index and DNA fingerprinting. *Molecular Biology and Evolution*, 7, 478-484.
- Lynch M.** 1991. In T. Burke, G. Dolf, A.J. Jeffreys, & R. Wolf (Eds.) *DNA fingerprinting: Approach and Applications*, Berkhauser Verlag, Israel, pp. 133-136.
- Min J.S., B.R. Min, J.Y. Han & M. Lee.** 1996. Identification of the species of meat of Korean cattle, deer, sheep and goats using random amplified polymorphic DNAs. *Korean Journal of Animal Science* 38, 231-238.
- Mishra B.P., S.N. Tandon & N.D. Khanna.** 1998. Genetic variation in Indian dromedary using random amplified polymorphic DNA (RAPD) technique. In *The International Meeting on Camel Production and Future Perspective*, May 1998, Al Ain, UAE, 49.
- Morsch G. & F. Leibengut.** 1994. DNA fingerprinting in roe deer using the digoxigenated probe (GTG)₅. *Animal Genetics*, 25, 25-30.
- Nei, M. & W. Li.** 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of National Academy of Science, USA*, 76, 5256-5273.
- Nienhuis J. & G. Sills.** 1992. The potential of hybrid varieties of self pollinated vegetables. In Y. Datte, C. Dumas, & M. Gallis (Eds). *Reproductive Biology and Plant Breeding*, Springer-Verlag, Switzerland, pp. 387-396.
- Plotsky Y., M.G. Kaiser & S.J. Lamont.** 1995. Genetic characterisation of highly inbred lines by two methods: DNA

fingerprinting and polymerase chain reaction using arbitrary primers. *Animal Genetics*, 26, 163-170.

Rai A.K., A.K. Roy & N.D. Khanna. 1992. Speed and strides of different breeds of camel. *Indian Journal of Animal Science*, 62, 91-92.

Rathore G.S. 1986. Camels and their management. ICAR publication, New Delhi, India

Rothuizen J. & M.V. Wolferen. 1994. Randomly amplified DNA polymorphisms in dog are reproducible and display Mendelian transmission. *Animal Genetics* 25, 13-18.

Sahai R. & R.K. Vijh. 1993. Cytogenetics of Camel: a monograph. Published by National Institute of Animal Genetics, Karnal and National Research Centre on Camel, Bikaner, India.

Sahani M.S., N. Sharma, & N.D. Khanna. 1996. Hair production in Indian camels (*Camelus dromedarius*) managed under farm conditions. *Indian Veterinary Journal* 73, 531-533.

Sahani M.S., M. Rathinasabapathy, Gorakhmal & N.D. Khanna. 1998. Milking technique and other factors affecting milk production potential in different breeds of camels under farm conditions. *Indian Journal of Animal Science* 68, 54-56.

Shereif N.A. & G.A. Alhadrami. 1996. Detection of genetic variation in racing camels using random amplified polymorphic DNA (RAPD) technique. *Journal of Camel Practice and Research* 3, 91-94.

Smith O.S., J.S.C. Smith, S.L. Bowen, R.A. Tenborg & S.J. Wall. 1990. Similarity among a group of elite maize inbreds as measured by pedigree, F_1 grain yield, heterosis and RFLPs. *Theoretical and Applied Genetics* 80, 833-840.

Tandon S.N. 1998. Studies on blood group and biochemical polymorphism in Indian camels. In *The International Meeting on Camel Production and Future Perspective*, May 1998, Al Ain, UAE, 55.

Tandon S.N., M. Kasturi, G. Raisinghani & N.D. Khanna. 1997a. Protein polymorphism in Indian camel. *Indian Veterinary Journal* 74, 533-534.

Tandon S.N., G. Raisinghani, M. Kasturi, & N.D. Khanna. 1997b. Electrophoretic studies of certain red cell enzymes in Indian dromedaries. *Indian Veterinary Journal* 74, 535.

Wei R., M.R. Dentine & J.J. Bitgood. 1997. Randomly amplified polymorphic DNA markers in crosses between inbred lines of Rhode Island Red and White Leghorn chickens. *Animal Genetics* 28, 291-294.

Welsh J. & M. McClelland. 1990. Fingerprinting genomes using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research* 18, 7213-7218.

Welsh J., C. Petersen, & M. McClelland. 1991. Polymorphisms generated by arbitrary primed PCR in the mouse: application to strain identification and genetic mapping. *Nucleic Acid Research* 19, 303-306.

Wetton J.H., R.E. Carter, D.T. Parkin & D. Walters. 1987. Demographic study of wild a wild sparrow population by DNA fingerprinting. *Nature* 327, 147-152.

Williams J.G.K., M.K. Hanodey, J.A. Rafalski & S.V. Tingey. 1993. Genetic analysis using random amplified polymorphic DNA markers. *Methods in Enzymology* 218, 704-740.

Williams J.G.K., A.R. Kubelik, K.J. Livak, J.A. Rafalski & S.V. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acid Research* 18, 6531-6535.

The Legal Framework for the Management of Animal Genetic Resources

Ingrassia A., D. Manzella & E. Martyniuk (Eds)

Published by FAO, Legislative Study

Via delle Terme di Caracalla Rome, Italy

Published in 2005, pp. 156

ISSN: 1014-6679; ISBN: 92-5-105433-9

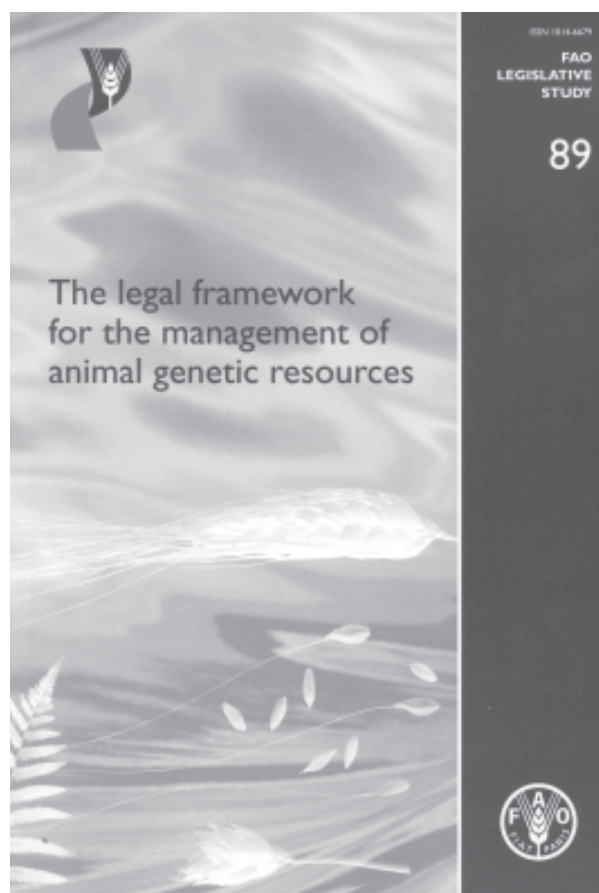
Many international meetings dealing with the development of Farm Animal Genetic Resources (FAnGR) recognized the importance of legal and policy frameworks for the sustainable management of these resources. These legal and policy frameworks are far less developed for FAnGR than in plant genetic resources mainly because of the fact that such concerns received the attention for farm animals at much later stage than for plants but also due the complexity of the subject in animals as compared to plants. This publication does well in capturing our state of knowledge and what needs to be done in the arena of legal frameworks for the management of FAnGR. The book includes six chapters and five annexes.

The Introduction gives a historical background on FAO Global Strategy for the Management of FAnGR, different aspects of biodiversity and the global status of FAnGR. The second chapter dwells in details on existing legal instruments related to FAnGR, e.g. Convention on Biological Biodiversity (CBD), World Trade Organization (WTO), Office International Epizootics (OIE), Codex Alimentaris, and Agenda 21 etc. Chapter three details relevant regional and regulatory framework of the European Union that is one of the most developed regional frameworks. Chapters 4, 5 and 6 review national frameworks and assess and policies and strategies and assess national legislation in place for different countries in the world. This information is mainly obtained from National Country State of Animal Genetic Reports submitted to FAO and from questionnaires.

Annex I provides a useful list of countries membership to international instruments

relevant to AnGR, Annex II summarizes National Legislative Framework Relevant to AnGR Management, Annex III presents the questionnaire used, Annex IV gives definitions of terms related to the management of AnGR and Annex V gives legal terminology. The book ends with a bibliography list of 41 references.

The book may be considered as a baseline of our present knowledge on the legal aspects in the management of AnGR and is a very useful reference for those working in the field of AnGR especially policy makers and legislators.



Application of Gene-Based Technologies for Improving Animal Production and Health in Developing Countries

H.P.S. Makkar & G.J. Viljoen (Eds)

Animal Production and Health Section, Joint FAO/IAEA

Springer Publisher, P.O. Box 17, 3300 AA Dordrecht, The Netherlands

Published in 2005, pp. 793

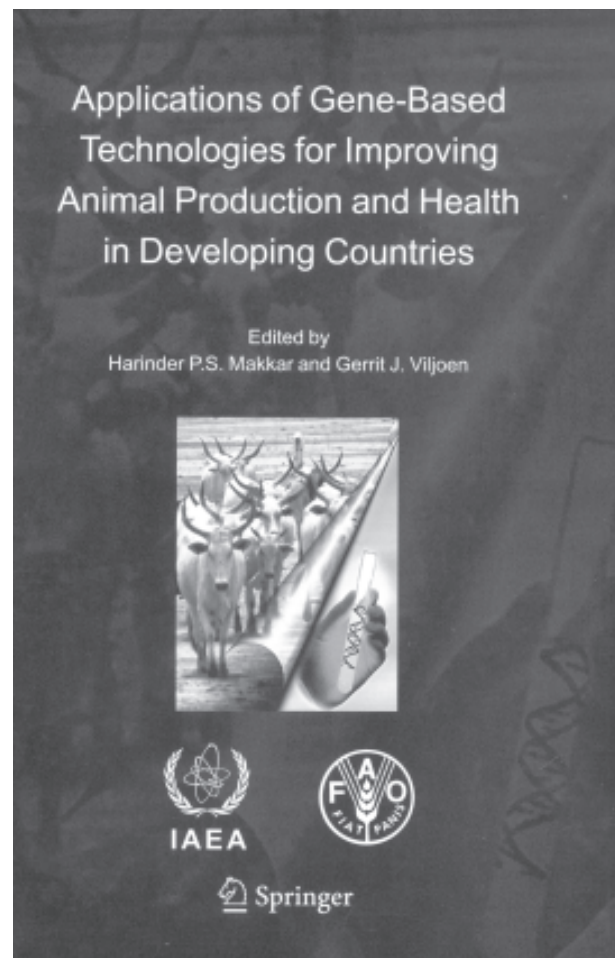
ISBN: 10 1-4020-3311-7

Modern biotechnology has potential for solving many problems associated with animal productivity and health and offers exciting opportunities for enhancing agricultural productivity. At present the focus is, however, on the issues and problems of significance for livestock producers in the developed world.

In order to fully realize the benefits of this technology in developing countries, there is a need to identify, characterize and apply appropriate gene-based technologies for these regions.

These proceedings present peer reviewed state-of-the-art papers describing the achievements in the areas of animal breeding and genetics, animal nutrition, animal health, and environment, ethics, safety, and regulatory aspects of gene-based technologies; achievements which could be realized using these modern scientific tools to maximise the benefits from the 'livestock revolution' that is taking place; and the constraints in the use of gene-based technologies and their specific research needs in developing countries.

This book will help in bridging the wide gap between developed and developing countries, in the development and use of gene-based technologies, and to elucidate the current and future roles of such technologies in the developing world. It is a good reference source for researchers, students and policy-makers alike.



Assessing Quality and Safety of Animal Feeds
Published by FAO, Animal Production and Health, Paper no. 160
FAO, Via delle Terme di Caracalla 1, 00100 Rome, Italy
Published in 2004, pp. 155
ISBN: 92-5-105046-5

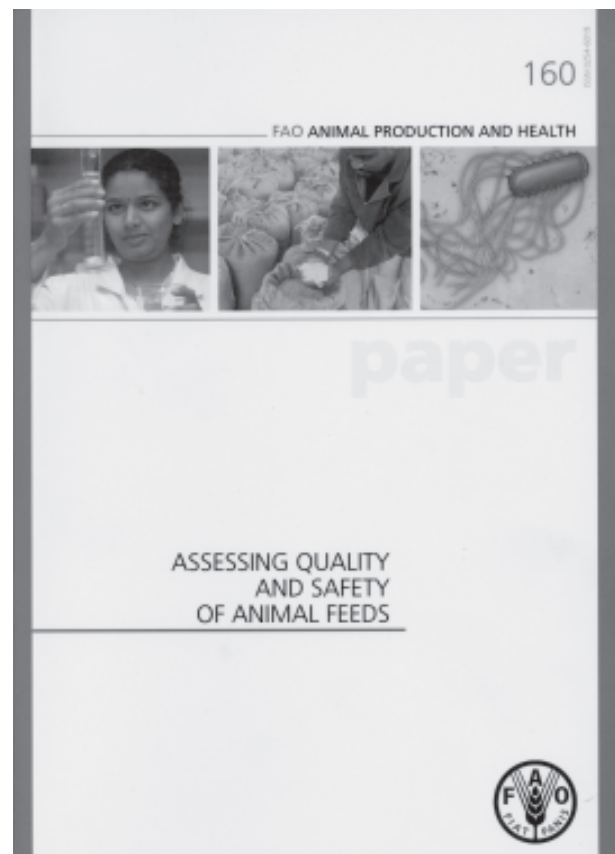
This publication provides the most recent information on the impact of animal feeds on food quality, food safety and the environment and thus improves the basis for managing such risks, which are increasingly at the centre of public and individual consumer attention.

Feed analysis provides information for farmers to optimize nutrient utilization in animal feeds; for feed compounders to prepare feed mixtures suitable for different animal production systems; for researchers to relate animal performance to feed characteristics; and for plant breeders to optimize the nutritive value of new varieties. This book brings together six reviews on these subjects from the FAO Electronic journal AGRIPPA in printed form.

1. The keynote article by Mueller-Harvey describes current procedures for feed analysis and procedures to improve standards. Standard and widely accepted methods are described together with recent developments in feed analysis. Topics covered include: sample preparation, analysis of major components and of secondary plant products (tannins, mycotoxins and other contaminants).
2. The paper by Gizzi and Givens considers the importance of quality and safety for the compound feed manufacturer, the farmer and the policy maker. Data variability also results from differences in the methodologies used to obtain the information.
3. The paper by Makkar describes the potential of the in vitro gas production method for evaluating nutritional quality of feed resources for ruminants. This technique enables selection of a feed or feed constituent for high efficiency of microbial protein synthesis in the rumen along with high dry matter digestibility.

4. D'Mello covers the microbiology of animal feeds, including forages, cereal grains, oilseed by-products and compound feeds. Major adverse effects arise in farm animals due to the production of mycotoxins by certain species and strains of these fungi.
5. In a second article, Dr D'Mello reviews the range of contaminants and toxins arising from anthropogenic and natural sources.
6. The final paper by Hughes and Heritage explores the developing controversy surrounding the use of antibiotics as growth promoters

Further articles will be published from time to time and can be read on-line at: www.fao.org/agrippa .



Sustainable Grazing, Nutritional Utilization and Quality of Sheep and Goat

Molina Alcaide E., H. Ben Salem K. Biala & P. Morand-Fehr (Eds)

Options Méditerranéennes Serie A: Séminaires Méditerranéens

Proc. of the 1st Joint Seminar of the FAO-CIHEAM Sheep and Goat Nutrition
and Mountain and Mediterranean Pastures Sub-Network

Published by CIHEAM, Apdo 202, 50080 Zaragoza, Spain

Published in 2005, pp. 466

ISSN: 1016-121-X; ISBN: 2-85352-321-7

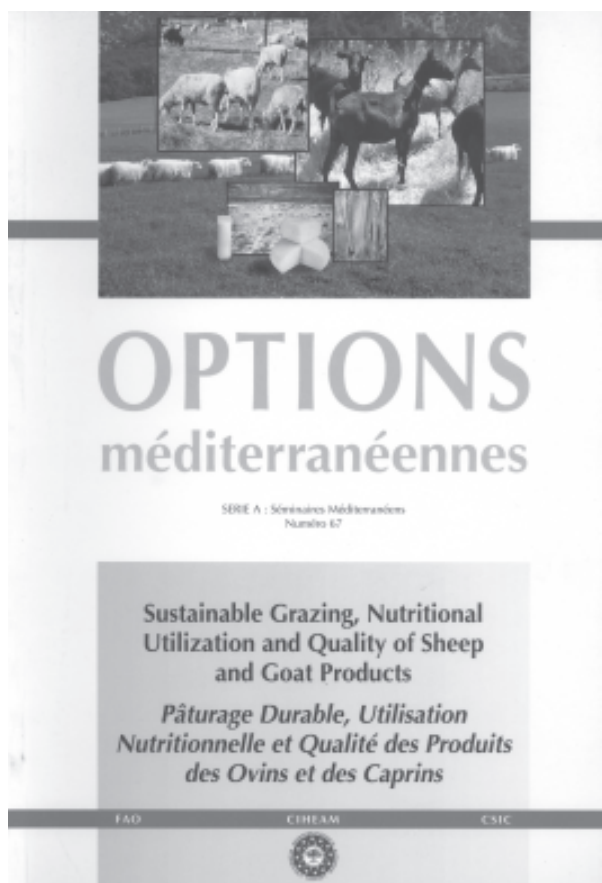
The first joint seminar of the FAO-CIHEAM Sheep and Goat Nutrition and Mountain and Mediterranean Pastures Sub-Networks, was held in Granada (Spain), from 2 to 4 October 2003 and was organised, under the auspices of the Spanish Ministry of Science and Technology, by CSIC FAO and CIHEAM.

The international coordinators of FAO-CIHEAM Networks on Sheep and Goat and on Pastures and Fodder Crops decided to combine the 10th Seminar on Sheep and Goat Nutrition with the 12th Meeting of the Sub-Networks on Mountain and Mediterranean Pastures and organized the first joint seminar.

This joint seminar focused on topics related to sustainable grazing, nutritional utilization and quality of sheep and goat products. Sessions dealt with sustainable management for quality pastures, nutritional manipulation and product quality, management of grazing animals for pastures and non-conventional foods evaluation. Furthermore, three round tables were organised to discuss the following topics: traceability of products in grazing systems, alternative methods to control pathogens in grazing animals and indicators of sustainable systems.

Ninety-six participants from 20 countries attended the seminar (Algeria, Belgium, Bulgaria, Czech Republic, Denmark, France, Greece, Israel, Italy, Mexico, Morocco, Poland, Portugal, Slovakia, Spain, Sweden, Switzerland, Tunisia, UK, USA) as well as representatives or scientists from CIHEAM and FAO. A total of 70 papers were

presented and discussed, including introductory papers, oral presentations and posters, sixty-three of which have been selected to be published in these proceedings.



Time for Action. Protecting Animal Genetic Diversity for Food and Agriculture

FAO, Animal Genetic Resources Group,
Via delle Terme di Caracalla 1, 00100 Rome, Italy

Produced in five languages (Arabic, Chinese, English, French and Spanish) this brochure summarizes:

- The domestic animal diversity under siege. Thousands of farm animal breeds have been developed over millennia to thrive in specific locations. Today, many countries are losing these genetic resources, which are critical for both food security and sustainable development.

FAO estimates that industrial livestock operations are growing twice as fast as traditional mixed farming systems and six times as fast as traditional grazing systems. As a result, only a limited number of species and breeds now provides most of the world's livestock production.

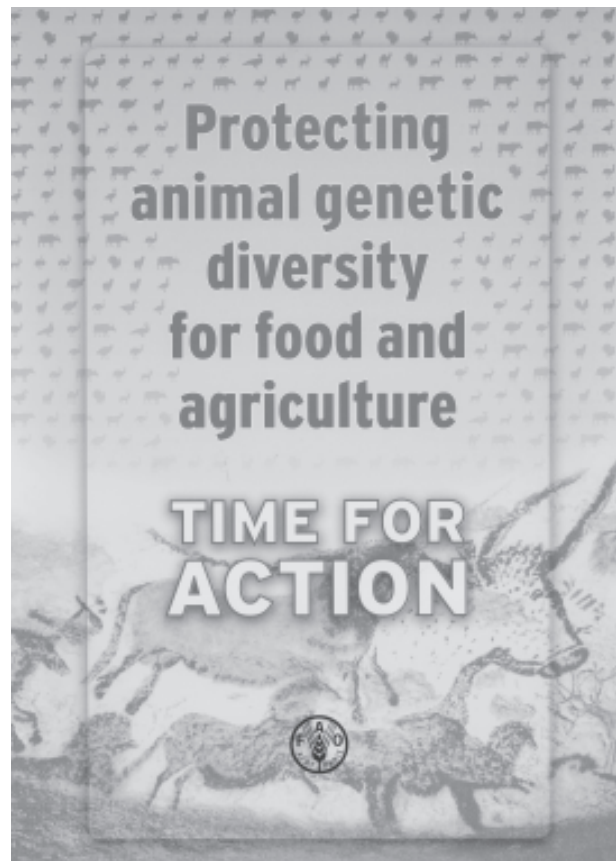
At the same time, the livestock industry is under pressure to manage animal wastes, decrease emissions from intensive livestock production and reduce the release of greenhouse gases.

- The rate of loss of animal biodiversity. Currently more than 20 percent of the breeds documented with population figures have been identified as being at risk of extinction. During the last five years 60 breeds were lost - an average of one breed per month. Many others have yet to be formally identified and may disappear before anything is known about them.
- The importance of protecting the diversity. Livestock keepers need a broad gene pool to draw upon if, they are to improve the characteristics of their animals under changing conditions. Traditional breeds, suited to local conditions, survive times of drought and distress better than exotic

breeds and, therefore, frequently offer poor farmers better protection against hunger.

Consumers in the developed world - and increasingly also in developing countries - care about product origins and production conditions. They are creating a demand for high-quality niche products including indigenous breeds raised in traditional ways.

- National priorities for action. The Report on Strategic Priorities for Action, discussed in 14 sub-regional consultations, summarizes reports prepared by individual countries.
- Action at international level



Buffalo Production and Research

A. Borghese (Ed.)

FAO Regional Office for Europe, Inter-regional Cooperative Research Network
on Buffalo

Published in 2005, pp. 315

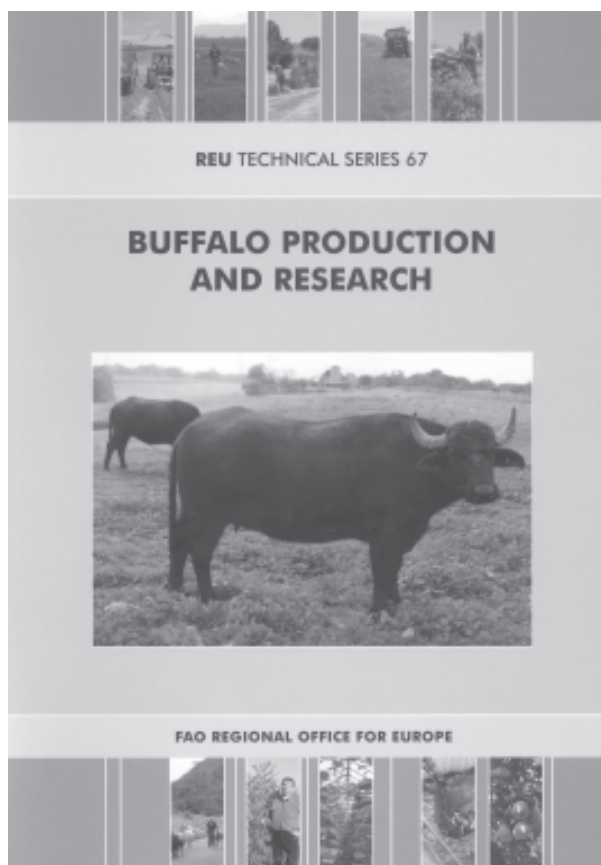
This publication summarizes the state of the art on buffalo and the activities performed by the Network that is part of the FAO European System of Cooperative Research Networks for Agriculture (ESCORENA). ESCORENA is composed by 13 networks, six of which include other regions in addition to Europe. In 1992 FAO decided to assign some funds in order to establish a Buffalo Research Network for countries where buffalo research occupied a secondary role compared to research on cattle.

The main objective of the Network is to develop a system of cooperation among research institutions from buffalo-producing countries of Europe and the Near East with a view to providing scientific and professional support to the buffalo production sector in general, and to small subsistence farmers in particular. The Network collects and analyses data on production systems, buffalo reproduction and marketing of buffalo products, and disseminates this information through meetings, workshops and the "Buffalo Newsletter". Short to medium-term objectives include the collection of data on animal genetic diversity, reproduction and the establishment of performance recording systems.

The Group acts as a forum for the exchange of research results and as a coordinating body for research on buffalo reproduction and biotechnology. The Group has identified major issues affecting buffalo reproduction and the efficiency of buffalo

production and adopted a programme of cooperative research in the following fields:

1. Reproduction and biotechnology.
2. Farming systems.
3. Buffalo products.
4. Genetic resources.



Editorial Policies and Procedures

The mission of the Animal Genetic Resources Information Bulletin (AGRI) is the promotion of information on the better use of animal genetic resources of interest to food and agriculture production, under the Global Strategy for the Management of Farm Animal Genetic Resources. All aspects of the characterization, conservation and utilization of these resources are included, in accordance with the Convention on Biological Diversity. AGRI will highlight information on the genetic, phenotypic and economic surveying and comparative description, use, development and maintenance of animal genetic resources; and on the development of operational strategies and procedures which enable their more cost-effective management. In doing this AGRI will give special attention to contributions dealing with breeds and procedures capable of contributing to the sustainable intensification of the world's medium to low input production environments (agro-ecosystems), which account for the substantial majority of the land area involved in livestock production; the total production of food and agriculture from livestock; and of our remaining farm animal genetic resources.

Views expressed in the paper published in AGRI represent the opinions of the author(s) and do not necessarily reflect those of the institutions which the authors are affiliated, FAO or the Editors.

The suitability of manuscripts for publication in AGRI is judged by the Editors and reviewers.

Electronic publication

AGRI is available in full electronically on the Internet, in addition to being published in hard copy, at:
<< <http://www.fao.org/dad-is>>>

Types of Articles

The following types of articles are published in AGRI.

Research articles

Findings of work on characterization, conservation and utilization of farm animal genetic resources (AnGR) in well described production environments, will be considered for publication in AGRI. Quality photographs of these genetic resources viewed in the primary production environment to which they are adapted, accompanying the manuscripts are encouraged.

Review articles

Unsolicited articles reviewing agro-ecosystems, country-level, regional or global developments on one or more aspects of the management of animal genetic resources, including state-of-the-art review articles on specific fields in AnGR, will be considered for publication in AGRI.

Position papers

Solicited papers on topical issues will also be published as deemed required.

Other published material

This includes book reviews, news and notes covering relevant meetings, training courses and major national, regional and international events and conclusions and recommendations associated with the outcomes of these major events. Readers are encouraged to send such items to the editors.

Guidelines for Authors

Manuscript submission

Manuscripts prepared in English, French or Spanish with an English summary and

another summary in either French or Spanish, should be submitted to AGRI Editor, AGAP, FAO, Viale delle Terme di Caracalla, 00100 Rome, Italy. Additionally the manuscript must be sent as a WinWord Electronic Mail attachment to agri-bulletin@fao.org. Photographs, coloured or black and white, and figures must be always sent by mail.

Manuscripts should be typed double-spaced and with lines numbered in the left margin. All pages, including those of references, tables etc., must be consecutively numbered. The corresponding author is notified of the receipt of a manuscript.

For manuscripts that are accepted after revision, authors are encouraged to submit a last version (3½" disc format) in Word 6.0 for Windows of their revised manuscript along with the printed copy.

Preparation of the manuscript

The first page of the manuscript must include the running head (abbreviated title), title, names of authors, institutions, full addresses including postal codes and telephone number and other communication details (fax, e-mail, etc.) of the corresponding author. The running head not exceeding 45 characters plus spaces, should appear at the top of page 1 of the manuscript entirely in capital letters. The title of the manuscript is typed in upper and lower case letters. The title should be as brief as possible not exceeding 150 characters (including spaces) with species names when applicable. Authors, institutions and addresses are in upper and lower case italics. There is one blank line between the title and the authors. Addresses are typed as footnotes to the authors after leaving one blank line. Footnotes are designated numerically. Two lines are left below the footnotes.

Headings

Headings of sections, for example Summary, Introduction, etc., are left-justified. Leave two blank lines between addresses footnotes and Summary and between the heading Summary

and its text. Summary should not exceed 200 words . It should be an objective summary briefly describing the procedures and findings and not simply stating that the study was carried on such and such and results are presented, etc. Leave one line between the summary text and Keywords which is written in italics as well as the keywords themselves. All headings of sections (14 regular) and sub-sections (12 regular) are typed bold and preceded and succeeded by one blank line and their text begins with no indention. The heading of a sub-subsection is written in italics, and ends with a dot after which the text follows on the same line. Keywords come immediately after the summaries. They should be no more than six, with no "and" or "&".

Tables and figures

Tables and figures must be enclosed with the paper and attached at the end of the text according their citation in the document. Photos will not be returned

Tables

Tables, including footnotes, should be preceded and succeeded by 2 blank lines. Table number and caption are written, above the table, in italics (12) followed by a dot, then one blank line. For each column or line title or sub-title, only the 1st letter of the 1st word is capitalized. Tables should be numbered consecutively in Arabic numerals. Tables and captions should be left justified as is the text. Use horizontal or vertical lines only when necessary. Do not use tabs or space-bar to create a table but only the appropriate commands.

Figures

Figures including titles and legends should be preceded and succeeded by two blank lines. Figure number and title are written, below the figure, in italics (12) and end with a dot. The term figures includes photos, line drawings,

maps, diagrams etc.

All the submitted diagrams, must be accompanied with the original matrix of the data used to create them. It is strongly advised to submit diagrams in Word 6.0 or Excel 5.0. Figures should be numbered consecutively in Arabic numerals.

References

Every reference cited in the text should be included in the reference list and every reference in the reference list should have been mentioned in the text at least once. References should be ordered firstly alphabetically by the first author's surname and secondly by year.

- Example for reference in a periodical is:
Köhler-Rollefson, I. 1992. The camel breeds of India in social and historical perspective. *Animal Genetic Resources Information* 10, 53-64.
- When there are more than one author:
Matos, C.A.P., D.L. Thomas, D. Gianola, R.J. Tempelman & L.D. Young. 1997. Genetic analysis of discrete reproductive

traits in sheep using linear and nonnlinear models: 1. Estimation of genetic parameters 75, 76-87.

- For a book or an ad hoc publication, e.g., reports, theses, etc.:
Cockrill, W.R. (Ed.). 1994. *The Husbandry and Health of the Domestic Buffalo*. FAO, Rome, Italy, pp 993.
- For an article in the proceedings of a meeting:
Hammond, K. 1996. FAO's programme for the management of farm animal genetic resources. In C. Devendra (Ed.), *Proceedings of IGA/FAO Round Table on the Global Management of Small Ruminant Genetic Resources*, Beijing, May 1996, FAO, Bangkok, Thailand, 4-13.
- Where information included in the article has been obtained or derived from a World Wide Web site, then quote in the text, e.g. "derived from FAO. 1996" and in the References quote the URL standard form:
FAO. 1996. *Domestic Animal Diversity Information System*, <http://www.fao.org/dad-is/>, FAO, Rome, Italy.

For all future manuscript dispatch and correspondence regarding
AGRI, please use the following mailbox:

agri-bulletin@fao.org

Thanks for the collaboration

Normes et règles éditoriales

L'objectif du Bulletin d'information sur les ressources génétiques animales (AGRI) est la vulgarisation de l'information disponible sur la meilleure gestion des ressources génétiques animales d'intérêt pour la production alimentaire et agricole, d'après les recommandations de la Stratégie mondiale pour la gestion des ressources génétiques des animaux domestiques. Tous les aspects relatifs à la caractérisation, la conservation et l'utilisation de ces ressources seront pris en considération, suivant les normes de la Convention pour la Biodiversité.

AGRI désire diffuser de l'information sur la génétique, les enquêtes phénotypiques et économiques et les descriptions comparatives, l'utilisation et la conservation des ressources génétiques animales, ainsi que toute information sur le développement de stratégies opérationnelles et de normes qui puissent permettre une meilleure gestion de la relation coût/efficacité. C'est pour cela que AGRI prendra spécialement en considération toutes les contributions référées aux races et aux normes capables de permettre une intensification durable des milieux (agroécosystèmes) à revenus moyens et bas dans le monde; qui comprennent la majeure partie des terres consacrées à l'élevage, à la production totale des aliments et l'agriculture provenant de l'élevage; et tout ce qui reste comme ressources génétiques des animaux domestiques.

Les opinions exprimées dans les articles publiés dans AGRI appartiennent seulement aux auteurs et donc ne représentent pas nécessairement l'opinion des instituts pour lesquels ils travaillent, la FAO ou les éditeurs.

L'opportunité ou non de publier un article dans AGRI sera jugée par les éditeurs et les réviseurs.

Publication électronique

En plus de sa version imprimée, la version totale de AGRI se trouve disponible sur Internet, sur le site:

<http://www.fao.org/dad-is/>

Types d'articles

Les articles suivants pourront être publiés sur AGRI:

Articles de recherche

Seront prises en considération pour leur publication sur AGRI les études sur la caractérisation, la conservation et l'utilisation des ressources génétiques des animaux domestiques (AnGR) accompagnées d'une bonne description du milieu. On encourage les auteurs à envoyer des photographies de bonne qualité qui montrent les races en question dans leur milieu naturel de production.

Révisions

Occasionnellement, des articles contenant une révision des agroécosystèmes, au niveau national, régional ou mondial, avec un ou plusieurs aspects se rapportant à la gestion des ressources génétiques animales, y compris les mises à jour des différentes zones de AnGR, seront pris en considération.

Articles spécifiques

Ponctuellement, des articles sur des thèmes spécifiques pourront être demandés pour la publication d'éditions spéciales.

Autre matériel pour publication

Ceci comprend la révision de livres, nouvelles et notes de réunions importantes, cours de formation et principaux événements nationaux, régionaux et internationaux; ainsi que les conclusions et recommandations par rapport aux objectifs de ces principaux événements. Les auteurs sont priés d'envoyer ce genre de matériel aux éditeurs.

Guide pour les auteurs

Présentation du manuscrit

Les articles se présenteront en anglais, français ou espagnol, avec un résumé en anglais et sa traduction en français ou en espagnol; ils seront envoyés à l'éditeur de AGRI, AGAP, FAO, Viale delle Terme di Caracalla, 00100 Rome, Italie. En outre, l'article devra être envoyé par courrier électronique comme document attaché en version WinWord à *agri-bulletin@fao.org*. Les photographies, en couleur ou en blanc et noir, seront toujours envoyées par courrier normal.

Les manuscrits se présenteront à double interligne et avec le numéro correspondant à chaque ligne sur la marge gauche. Toutes les pages seront numérotées, y compris celles avec les références bibliographiques, les tableaux, etc. L'auteur recevra une lettre lui donnant bonne réception de son document.

Lorsqu'un article, après sa révision, sera accepté, on demandera à l'auteur d'envoyer la version finale révisée sur disquette (format 3 1/2") en Word 6.0 x Windows, ainsi qu'une copie sur papier.

Préparation du manuscrit

Sur la première page du manuscrit on indiquera le titre de l'article en abrégé, le titre et noms des auteurs, des institutions, les adresses complètes (y compris code postal et numéro de téléphone); ainsi que tout autre moyen de contact tel que télécopie, courriel, etc. avec l'auteur principal. Le titre abrégé ne devra pas dépasser 45 caractères, plus les espaces nécessaires, et s'écrira sur la partie supérieure de la page 1 du manuscrit en majuscules. Le titre en entier du manuscrit sera écrit en majuscules et minuscules; il devra être aussi bref que possible, sans dépasser 150 caractères (y compris les espaces nécessaires), et avec l'indication des noms des espèces. Les noms des auteurs, des institutions et les adresses seront en italique et en lettres majuscules et minuscules. On laissera un espace en blanc entre le titre et les

noms des auteurs. Les adresses seront indiquées comme de bas à pied de page pour chacun des auteurs après avoir laissé un espace en blanc après les noms. Chaque note de bas de page sera numérotée. On laissera deux espaces en blanc après les adresses.

Titres

Les titres de chaque chapitre, par exemple Résumé, Introduction, etc. seront alignés à gauche. Laisser deux espaces en blanc entre les notes de bas de page avec les adresses et le Résumé, et entre le titre Résumé et le texte qui suit. Le résumé ne devra pas dépasser les 200 mots. Il s'agira d'un résumé objectif faisant une brève description des processus utilisés et des résultats obtenus, et non pas une simple présentation du travail réalisé avec une description générale des résultats. Laisser un espace en blanc entre la fin du texte du résumé et les mots clés, qui seront écrits en italique ainsi que le titre Mots clés. Les mots clés seront au maximum six et il ne devra pas y avoir de et ou &. Tous les titres principaux de chapitre (14 regular) et sous-chapitre (12 regular) seront en gras avec un espace en blanc avant et après. Le texte commencera sans retrait. Un titre à l'intérieur d'un sous-chapitre s'écrira en italique, suivi d'un point, avec le texte à continuation.

Tableaux et figures

Les tableaux et les figures iront à la fin du texte en suivant l'ordre d'apparition dans le texte. Les photographies ne seront pas dévolues aux auteurs.

Tableaux

Les tableaux, y compris les notes de bas de page, devront avoir un espace en blanc avant et après. Le numéro du tableau et le titre s'écriront sur la partie supérieure en italique (12) avec un point à la fin et un espace en blanc en dessous. Sur chaque colonne, titre d'en-tête ou sous-titre, seulement la première lettre du premier mot sera en majuscule. Les tableaux et leur titre seront alignés à gauche,

ainsi que le texte. Les lignes verticales et horizontales seront utilisées seulement si nécessaire. Ne pas utiliser les "tabs" ou la barre d'espacement pour créer un tableau.

Figures

Les figures, y compris les titres et les légendes, seront précédés et suivis de deux espaces en blanc. Le numéro de la figure et le titre s'écriront sur la partie supérieure en italique (12) avec un point à la fin. Sous la rubrique figure on trouvera les photographies, les graphiques, les cartes, les diagrammes, etc. Dans le cas des diagrammes, la matrice originale avec les données utilisées pour son élaboration devra être envoyée. On recommande l'utilisation de Word 6.0 ou Excel 5.0 pour la présentation des diagrammes.

Références

Toute référence présente dans le texte devra apparaître sur la liste des références, et chaque référence de la liste aura été citée au moins une fois dans le texte. Les références iront en ordre alphabétique du nom de l'auteur, suivi de l'année.

- Exemple dans le cas d'une référence sur une revue:
Köhler-Rollefson, I. 1992. The camel breeds of India in social and historical perspective. *Animal Genetic Resources Information* 10, 53-64.

- Lorsqu'il s'agit de plus d'un auteur:
Matos, C.A.P., D.L. Thomas, D. Gianola, R.J. Tempelman & L.D. Young. 1997. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and non-linear models: 1. Estimation of genetic parameters 75, 76-87.
- Dans le cas d'un livre ou d'une publication ad hoc, par exemple un rapport, une thèse, etc.:
Cockrill, W.R. (Ed.). 1994. *The Husbandry and Health of the Domestic Buffalo*. FAO, Rome, Italy, pp 993.
- S'il s'agit d'un acte d'une réunion:
Hammond, K. 1996. FAO's programme for the management of farm animal genetic resources. In C. Devendra (Ed.), *Proceedings of IGA/FAO Round Table on the Global Management of Small Ruminant Genetic Resources*, Beijing, May 1996, FAO, Bangkok, Thailand, 4-13.
- Lorsque l'information contenue dans l'article ait été obtenue ou dérive d'un site World Wide Web, il faudra mettre le texte entre guillemets; par exemple "tiré de la FAO. 1996" et indiquer dans les Références la forme standard URL:
FAO. 1996. *Domestic Animal Diversity Information System*, <http://www.fao.org/dad-is/>, FAO, Rome, Italy.

Pour tout envoi de manuscrits ou correspondance au sujet d'AGRI, vous êtes prié d'utiliser l'adresse suivante:

agri-bulletin@fao.org

Merci pour votre collaboration

Reglas y normas editoriales

El objetivo del Boletín de Información sobre Recursos Genéticos Animales (AGRI) es la divulgación de la información sobre una mejor gestión de los recursos genéticos animales de interés para la producción alimentaria y agrícola, siguiendo la Estrategia Mundial para la Gestión de los Recursos Genéticos de los Animales Domésticos. Todos los aspectos referidos a la caracterización, la conservación y el uso de estos recursos serán tomados en consideración, de acuerdo con el Convenio sobre la diversidad biológica.

AGRI publicará información sobre genética, encuestas fenotípicas y económicas y descripciones comparativas, uso, desarrollo y conservación de los recursos genéticos animales, así como sobre el desarrollo de estrategias operacionales y normas que permitan una gestión más eficaz de la relación costo/eficacia. Por ello, AGRI prestará especial atención a las contribuciones referidas a razas y normas capaces de contribuir a la intensificación sostenible de los medios (agroecosistemas) con ingresos medios y bajos en el mundo, que comprenden casi la mayor parte de las tierras dedicadas a la producción ganadera; la producción total de alimentos y agricultura provenientes de la ganadería; y el resto de los recursos genéticos de animales domésticos.

Los puntos de vista expresados en los artículos publicados en AGRI son solamente las opiniones de los autores y, por tanto, no reflejan necesariamente la opinión de las instituciones para las cuales trabajan dichos autores, de la FAO o de los editores.

La oportunidad o no de publicar un artículo en AGRI será juzgada por los editores y revisores.

Publicación electrónica

Además de su publicación impresa, la versión íntegra de AGRI se encuentra disponible electrónicamente en Internet, en el sitio: www.fao.org/dad-is/

Tipos de artículos

Serán publicados en AGRI los siguientes tipos de artículos:

Artículos sobre investigación

Se tomarán en consideración para su publicación en AGRI los estudios sobre la caracterización, conservación y uso de los recursos genéticos de los animales domésticos (AnGR) con una buena descripción del entorno. Se agradecerá el envío de fotografías de calidad que presenten a las razas en cuestión en su ambiente natural de producción.

Artículos de revisión

Se podrán tomar en consideración ocasionalmente aquellos artículos que presenten una revisión de los agroecosistemas, a nivel nacional, regional o mundial, con el desarrollo de uno o más aspectos referidos a la gestión de los recursos genéticos animales, incluidas las revisiones sobre el estado actual de las distintas áreas de AnGR.

Artículos específicos

Se solicitarán puntualmente artículos sobre temas específicos para ediciones especiales.

Otro material para publicación

Incluye la revisión de libros, noticias y notas referidas a reuniones importantes, cursos de formación y principales eventos nacionales, regionales e internacionales, así como conclusiones y recomendaciones relacionadas con los objetivos de estos principales eventos. Se invita a los lectores a enviar este tipo de material a los editores.

Guía para los autores

Presentación del manuscrito

Los artículos se presentarán en inglés, francés o español, junto con un resumen en inglés y su traducción en francés o español, y se enviarán al editor de AGRI, AGAP, FAO, Viale delle Terme di Caracalla, 00100 Roma, Italia. El artículo deberá ser enviado en versión WinWord en fichero adjunto por correo electrónico a *agri-bulletin@fao.org*. Las fotografías, color o en blanco y negro, se enviarán siempre por correo normal.

Los manuscritos se presentarán con doble espacio y con el número correspondiente a cada línea en el margen izquierdo. Todas las páginas serán numeradas, incluidas las de las referencias bibliográficas, cuadros, etc. El autor recibirá una notificación sobre la recepción de su documento.

En el caso de aceptación de un artículo después de su revisión, se solicitará al autor una versión final de su artículo revisado en disquete (formato 3 $\frac{1}{2}$ " en Word 6.0 x Windows, así como una copia impresa del mismo.

Preparación del manuscrito

En la primera página del manuscrito se indicará el título abreviado del artículo, títulos y nombres de los autores, instituciones, direcciones completas (incluido código postal y número de teléfono); así como otros medios de contacto tales como fax, correo electrónico, etc. del autor principal. El título abreviado no deberá sobrepasar los 45 caracteres más los espacios correspondientes, y aparecerá en la parte superior de la página 1 del manuscrito en mayúsculas. El título entero del manuscrito se escribirá en mayúsculas y minúsculas. Dicho título debe ser lo más breve posible y no sobrepasar los 150 caracteres (incluidos los espacios necesarios), con los nombres de las especies, si necesario. Los nombres de los autores, instituciones y direcciones se escribirán en cursiva y en letras mayúsculas y minúsculas. Se dejará una línea en blanco

entre el título y los nombres de los autores. Las direcciones se escribirán como notas de pie de página de cada autor después de dejar una línea en blanco entre los nombres y éstas. Cada nota de pie de página con la dirección será indicada numéricamente. Se dejarán dos líneas en blanco después de las direcciones.

Títulos

Los títulos de cada sección, por ejemplo Resumen, Introducción, etc., serán alineados a la izquierda. Dejar dos líneas en blanco entre las notas de pie de página con las direcciones y el Resumen y entre el título Resumen y el texto que sigue. El resumen no deberá exceder de 200 palabras. Deberá ser un resumen objetivo que describa brevemente los procesos y logros obtenidos, y no una presentación de cómo se ha llevado a cabo el estudio y una descripción genérica de los resultados. Dejar una línea en blanco entre el final del texto del resumen y las palabras clave, que se escribirán en cursiva así como el título Palabras clave. No deberán ser más de seis y no deberán contener "y" o "&". Todos los títulos principales de capítulo (14 regular) y subcapítulo (12 regular) serán en negrita e irán precedidos y seguidos de una línea en blanco. El texto correspondiente empezará sin sangrado. Un título dentro de un subcapítulo se escribirá en cursiva e irá seguido de un punto con a continuación el texto correspondiente.

Cuadros y figuras

Los cuadros y las figuras se incluirán al final del texto siguiendo el orden de cita dentro del mismo. Las fotografías no serán devueltas a sus autores.

Cuadros

Los cuadros, incluidas las notas de pie de página, deberán ir precedidos y seguidos por dos líneas en blanco. El número del cuadro y su título se escribirán en la parte superior en cursiva (12) con un punto al final y seguido

de una línea en blanco. En cada columna o título de encabezamiento o subtítulo, sólo la primera letra de la primera palabra irá en mayúscula. Los cuadros irán numerados de forma consecutiva con números árabes. Los cuadros y sus títulos se alinearán a la izquierda, así como el texto. Se utilizarán líneas horizontales o verticales sólo cuando sea necesario. No utilizar tabuladores o la barra espaciadora para crear un cuadro.

Figuras

Las figuras, incluidos los títulos y leyendas, irán precedidas y seguidas de dos líneas en blanco. El número de la figura y el título se escribirán en la parte superior en cursiva (12) con un punto al final. La palabra figura incluye las fotografías, los gráficos, los mapas, los diagramas, etc. En el caso del diagrama se enviará la matriz original con los datos utilizados para crearlo. Se recomienda encarecidamente la utilización de Word 6.0 o Excel 5.0 para la presentación de los diagramas.

Referencias

Toda referencia presente en el texto deberá aparecer en la lista de referencias y, de la misma manera, cada referencia de la lista deberá haber sido citada por lo menos una vez en el texto. Las referencias deben ir en orden alfabético del apellido del autor, seguido por el año.

- Ejemplo en el caso de una referencia de una revista:
Köhler-Rollefson, I. 1992. The camel breeds of India in social and historical perspective. *Animal Genetic Resources Information* 10, 53-64.
- Cuando se trate de más de un autor:
Matos, C.A.P., D.L. Thomas, D. Gianola, R.J. Tempelman & L.D. Young. 1997. Genetic analysis of discrete reproductive traits in sheep using linear and nonnlinear models: 1. Estimation of genetic parameters 75, 76-87.
- En el caso de un libro o de una publicación ad hoc, por ejemplo informes, tesis, etc.:
Cockrill, W.R. (Ed.). 1994. *The Husbandry and Health of the Domestic Buffalo*. FAO, Rome, Italy, pp 993.
- Cuando se trate de un artículo dentro de las actas de una reunión:
Hammond, K. 1996. FAO's programme for the management of farm animal genetic resources. In C. Devendra (Ed.), *Proceedings of IGA/FAO Round Table on the Global Management of Small Ruminant Genetic Resources*, Beijing, May 1996, FAO, Bangkok, Thailand, 4-13.
- Cuando la información contenida en el artículo haya sido obtenida o derive de un sitio World Wide Web, poner el texto entre comillas; por ejemplo "sacado de la FAO. 1996" e indicar en las Referencias la forma estándar URL:
FAO. 1996. *Domestic Animal Diversity Information System*, <http://www.fao.org/dad-is/>, FAO, Rome, Italy.

Se ruega enviar los manuscritos o la correspondencia relativa a AGRI a la dirección siguiente:

agri-bulletin@fao.org

Gracias por su colaboración