



La Red XII - H de CYTED y la
Universidad Técnica Estatal de Quevedo

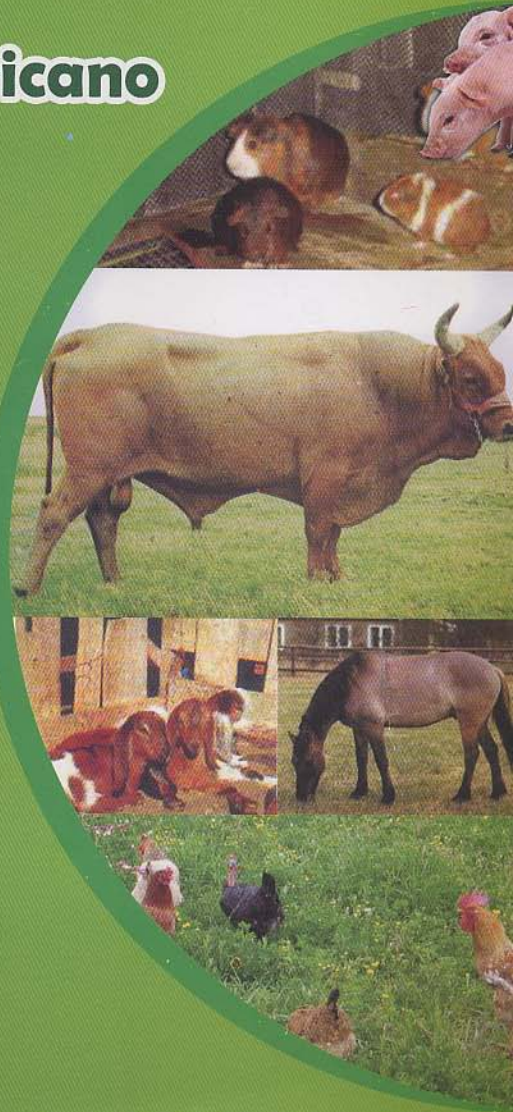


MEMORIAS

VIII Simposio Iberoamericano
sobre Conservación y
Utilización de Recursos
Zoogenéticos



13 - 14 - 15
de Noviembre / 2007



Lugar: Auditorio de la Universidad Técnica Estatal de Quevedo
Campus universitario Km. 1 1/2 Vía a Quito

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA INTRARRACIAL EN LA RAZA OVINA ARANESA; UNA POBLACIÓN EN PELIGRO DE EXTINCIÓN

INTRARRACIAL GENETIC VARIABILITY ANALYSIS IN THE ARANESA SHEEP BREED; A POPULATION IN DANGER OF EXTINCTION

A. Ferrando, P.M. Parés, J. Marmi, J. Jordana

Unitat de Ciència Animal, Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193-Bellaterra, Barcelona, Spain. E-mail: Jordi.Jordana@uab.cat

RESUMEN

Se analiza la variabilidad genética intrarracial de la raza ovina Aranesa, subestructurada en seis zonas pastorales de montaña, para una muestra total de 232 individuos y 12 marcadores moleculares de tipo microsatélite. La raza Aranesa, y a pesar de su reducido censo poblacional, conserva niveles relativamente altos de variabilidad genética, una baja consanguinidad y una gran uniformidad genética. El grado de subestructuración entre las diferentes zonas de pastoreo es muy reducido y generalmente poco significativo, excepto entre las ovejas aranesas y tarasconesas, aunque dichas poblaciones son filogenéticamente muy cercanas.

Palabras clave: Microsatélites, Diversidad genética, Conservación.

ABSTRACT

The genetic variability of 232 individuals belonging to the Aranesa sheep breed, which is structured into six mountain grazing zones, was analysed with 12 microsatellite markers. Despite a low census size, the breed maintains relatively high levels of genetic variability, a low level of inbreeding and a high genetic homogeneity. The population structure is low among grazing areas, and in general not very significant, except between Aranese and Tarasconese sheep. However, both populations are phylogenetically very close.

Keywords: Microsatellites, Genetic variability, Conservation.

INTRODUCCIÓN

La raza ovina Aranesa (Oelha Aranesa, en aranés), es una población autóctona catalana, localizada en la comarca de la Val d'Aran, que se encuentra en grave peligro de extinción. Actualmente quedan unos 1700 ejemplares repartidos en 64

explotaciones, y además se espera, si los condicionantes socio-económicos no cambian, que continúe disminuyendo, de forma alarmante, en la próxima década. (Parés, 2006). A principios de 2004 se creó la asociación de la raza (ACORA) y ese mismo año se inició un programa para su conservación, financiado por el Departament d'Agricultura, Alimentació i Acció Rural de la Generalitat de Catalunya y el Conselh Generau d'Aran, en colaboración con la Universitat Autònoma de Barcelona, dentro del cual se enmarca el presente trabajo.

La Aranesa está estrechamente emparentada con su vecina francesa Tarasconesa y probablemente ambas comparten su origen más ancestral con la raza Merina. A pesar, no obstante, de las evidentes semejanzas morfológicas, el manejo diferenciado de los rebaños en el Val d'Aran y en los llanos tarasconeses, y una sensible diferenciación en el tipo de cordero deseado, han producido una clara disimetría entre ambas poblaciones. Aún así, las influencias mutuas entre Aranesa y Tarasconesa siguen siendo todavía muy frecuentes: tanto por el comercio de los ganaderos araneses a las ferias francesas (ferias de Sent Godenç, Tarascó...) como por la mezcla de los rebaños en los pastos estivales de alta montaña (Parés et al., 2005; Parés, 2006).

Estudios previos, realizados con marcadores microsatélites, reflejaron que a pesar de su reducido tamaño censal, los valores medios de heterocigosis fueron relativamente elevados ($HE = 0,740 \pm 0,031$) y comparables a los obtenidos en otras razas (Marmi et al., 2006; Ferrando et al., 2007). Sin embargo, se observó un déficit global de heterocigotos (estimación aproximada de la consanguinidad), de aproximadamente el 7% [$FIT = 0,071 \pm 0,038$ ($P < 0,001$)], lo que sugería, que la raza Aranesa en su conjunto, presentaba una consanguinidad relativamente baja. Sin embargo, el elevado número de loci en desequilibrio nos podía hacer pensar en una cierta subestructuración reproductiva en el seno de la misma, lo cual es el objeto de análisis y discusión del presente trabajo.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se obtuvieron muestras de sangre de 232 animales de raza Aranesa procedentes de 12 localidades de la comarca de la Val d'Aran: Bausen, Betlan, Bossost, Canejan, Era Bordeta, Garós, Gessa, Lès, Salardú, Sant Joan de Torau, Vielha y Vilamós. Estas se agruparon teniendo en cuenta las seis zonas estivales de pastos de montaña, en concreto: Saplan—Coma Palas (74 muestras), Montludé—Portet (30 muestras), Corilha—Salient (36 muestras), Boca N. del Túnel (30 muestras), Plan de Beret (43 muestras) i Porcingles (19 muestras). Esta subdivisión se realizó por ser núcleos geográficos y pastoriles más o menos independientes, y para investigar las posibles relaciones migratorias que se hayan venido sucediendo dentro del Valle, así como para conocer los niveles de consanguinidad que manifiestan cada uno de ellos. Adicionalmente, y debido a la estrecha relación filogenética que mantiene esta población con su vecina francesa Tarasconesa, se obtuvieron un total de 44 muestras sanguíneas de tres rebaños de las comarcas francesas Hautes-Pyrénées y Haute-Garonne: Sent Bertran deth Comenge (12 muestras), Mauléon-Barousse (11 muestras) y Juset d'Isau (21 muestras).

El genotipado se realizó mediante 12 marcadores microsatélite (McM42, INRA49, TGLA53, McM527, MAF65, HSC, OarCP49, OarFCB11, OarCP34, McM218, OarCP20, MAF214). Uno de los dos cebadores de cada marcador incluyó un marcaje con un fluorocromo (NED, HEX o 6-FAM). Los productos de PCR fueron analizados en un secuenciador automático ABI3730 (Applied Biosystems, CA, USA) utilizando el marcador interno estándar de tamaño ROX 70-500. La lectura de los alelos se llevó a cabo con el programa GENEMAPPER v3.7 (Applied Biosystems). Los análisis estadísticos sobre la estima de la diversidad genética y de la estructura poblacional se realizaron con los programas GENETIX v4.05 (Belkhir et al., 2001), FSTAT (Goudet, 1995) y Molkin (Gutiérrez et al. 2005). Los dendrogramas de relación se obtuvieron mediante el algoritmo neighbour-joining a partir de la distancia DA (Nei et al., 1983), utilizando el programa POPULATIONS v1.2.28 (Langella, 2002). La robustez de cada rama fue probada realizando 1000 reemplazos sobre los loci. Se incluyeron en el árbol las razas Ripollesa, Xisqueta y Roja de Rosellón, actuando esta última como outgroup, por su origen ancestral completamente diferenciado del resto (Ferrando et al., 2007).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

DIVERSIDAD GENÉTICA

Se detectó un total de 127 alelos para el conjunto de la raza Aranesa, con una media de 10,58 alelos por locus (Cuadro 1). A pesar de su reducido censo poblacional, el valor de heterocigosis para el conjunto de los individuos fue relativamente elevado ($HE = 0,743$) y comparable al obtenido en otras razas españolas (Arranz et al., 1998; Ferrando et al., 2007). El marcador HSC fue el más informativo ($PIC = 0,90$), mientras que MAF214 obtuvo el valor más bajo ($PIC = 0,44$). La riqueza alélica, calculada adaptando el índice de rarefacción (Hurlbert, 1971), fue significativamente más alta en las zonas de Saplán-Coma Palas y de Montludé-Portet en relación a Corilha-Salient y la Boca N. del Túnel ($P < 0,01$). Se detectó déficit significativo de heterocigotos en tres de las zonas ($FIS = 0,036$ a $0,084$) y en el conjunto de la raza ($FIS = 0,045$).

ESTRUCTURA DE LA POBLACIÓN

Se detectó déficit significativo de heterocigotos (estimación aproximada de la consanguinidad) en el conjunto de la población ($FIT = 0,047$; $P < 0,001$) y en el conjunto de las zonas pastorales ($FIS = 0,039$; $P < 0,001$), aunque tan sólo cuatro de los doce loci contribuyeron a dicho déficit, en ambos casos (datos no mostrados). Estos resultados indican que dicho déficit no puede ser atribuido a la consanguinidad. El valor de diferenciación genética entre zonas pastorales fue muy bajo pero significativo ($FST = 0,008$; $P < 0,001$), contribuyendo, en mayor o menor grado, ocho loci a esa diferenciación, básicamente McM527 y HSC ($P < 0,001$) y McM218 y OarCP20 ($P < 0,01$). Dentro de la gran uniformidad genética que muestra la raza Aranesa ha sido posible detectar cierta subestructuración poblacional y reproductiva en el seno de la misma.

DISTANCIAS GENÉTICAS ENTRE POBLACIONES

El grado de diferenciación entre zonas de pastoreo y entre las razas Aranesa y Tarasconesa fue en conjunto muy bajo ($FST = 0,010$; $P < 0,001$; de media entre todas

ellas). Sin embargo, y en todos los casos, fue la población Tarasconesa la que presentó las mayores distancias genéticas y la única significativamente diferente a todas las demás (Cuadro 2). El árbol filogenético mostró que las ovejas aranesas y tarasconesas se agrupan juntas, 89% de valor bootstrap, —como era esperable por compartir un origen ancestral común— con respecto a las otras tres razas incluidas en el estudio. Las ovejas aranesas, de las seis zonas de pastoreo, también se agruparon por separado de las tarasconesas, aunque en este caso la robustez de la rama (26% bootstrap) fue débil (Figura 1). La raza Ripollesa también formó grupo consistente con Aranesa y Tarasconesa (92% bootstrap), compatible con su aportación ancestral común del tronco merino, y perfectamente diferenciadas de Xisqueta (procedente del tronco ibérico) y sobretodo de Roja del Rosellón, por su origen ancestral Norteafricano.

REFERENCIAS

- BELKHIR, K. ; BORSA, P. ; CHIKHI, L. ; RAUFESTE, N. ; BONHOMME, F. (2001). GENETIX 4.02, Logiciel sous Windows TM pour la Génétique des Populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions: CNRS UMR 5000. Université de Montpellier II, Montpellier (France).
- FERRANDO, A. ; PARÉS, P.M. ; MARMI, J. ; AVELLANET, R. ; JORDANA, J. (2007). Estudio de la diversidad y relaciones genéticas entre cinco razas ovinas del Pirineo Oriental. XII Jornadas sobre Producción Animal. ITEA, 28 :516-518.
- GUTIÉRREZ, J.P.; ROYO, L.J.; ÁLVAREZ, I.; GOYACHE, F. (2005). MolKin v2.0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *Journal of Heredity*, 96: 718-721.
- GOUDET, J. (2001). FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). Available from <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>. Updated from Goudet (1995)
- HURLBERT, S.H. (1971). The nonconcept of species diversity: a critique and alternative parameters. *Ecology*, 52: 577-586.
- LANGELLA, O. (2002). Population 1.2.28. Logiciel de génétique des populations. Laboratoire Populations, génétique et évolution, CNRS UPR 9034, Gif-sur-Yvette, <http://www.cnrs-gif.fr/pge/>.
- MARMI J., PARÉS P.M., y JORDANA J. (2006). Análisis genético de la raza ovina Aranesa con marcadores microsatélite. V Congreso Ibérico sobre los Recursos Genéticos Animales. Santa Cruz de la Palma (Canarias). Archivos de Zootecnia (en prensa).
- NEI, M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89: 583-590.

NEI, M.; TAJIMA, F.; TATENO, T. (1983). Accuracy of estimated phylogenetics trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution*, 19: 153-170.

PARÉS P.M. (2006). Caracterització estructural de les explotacions d'oví de la raça Aranesa. Caracterització morfològica qualitativa i biomètrica. Tesina d'Investigació. Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona.

PARÉS, P.M.; FRANCESCH, A.; JORDANA, J.; SUCH, X. (2005). Catalans de Pèl i Ploma. Races Domèstiques Autòctones de Catalunya. Lynx Edicions, Bellaterra, Barcelona.

WEIR, B.S.; COCKERHAM, C.C. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38:1358-1370.

Cuadro 1. Valores de heterocigosis esperada (HE) y observada (HO); número medio de alelos por locus; riqueza alélica (corregida para un tamaño muestral N=17); y estimación del déficit de heterocigotos (FIS) para cada zona de pastoreo y conjunto de la raza.

Zona de Pastoreo	N	$H_E^{(1)} \pm SD$	$H_o \pm SD$	Nº medio alelos/locus	Riqueza alélica media (N=17)	F _{IS}
Saplan-Coma Palas	74	0,758 ± 0,113	0,731 ± 0,117	9,17	7,10	0,036*
Montludé-Portet	30	0,734 ± 0,148	0,685 ± 0,136	8,08	7,12	0,068**
Corilha-Salient	36	0,706 ± 0,113	0,647 ± 0,164	7,83	6,52	0,084**
Boca N, del Túnel	30	0,741 ± 0,101	0,713 ± 0,130	7,33	6,51	0,038
Plan de Beret	43	0,732 ± 0,116	0,727 ± 0,108	8,08	6,85	0,007
Porcingles	19	0,735 ± 0,133	0,722 ± 0,177	6,92	6,76	0,018
Aranesa	232	0,743 ± 0,116	0,710 ± 0,116	10,58	7,05	0,045***
Tarasconesa	44	0,745 ± 0,129	0,735 ± 0,129	8,17	6,98	0,013

(1) estimación no sesgada (Nei, 1978)

Aranesa: análisis conjunto de las 6 zonas de pastoreo.

Cuadro 2. Test de diferenciación entre subpoblaciones de la raza Aranesa y la raza Tarasconesa. La diagonal superior corresponde al estimador θ del valor de FST según Weir y Cockerham (1984). La diagonal inferior indica la significación del valor de la diagonal superior.

	Saplan-Coma Palas	Montludé-Portet	Corilha-Salient	Boca N. Túnel	Plan de Beret	Porcingles	Tarasconesa
Saplan-Coma Palas	-	0,004	0,013	0,009	0,005	0,006	0,008
Montludé-Portet	NS	-	0,009	0,012	0,006	0,005	0,016
Corilha-Salient	***	NS	-	0,007	0,006	0,013	0,021
Boca N. Túnel	*	NS	NS	-	0,012	0,008	0,018
Plan de Beret	*	NS	*	*	-	0,007	0,012
Porcingles	NS	NS	*	NS	NS	-	0,022
Tarasconesa	***	**	***	***	***	***	-

Figura 1. Árbol de relación entre las diferentes subpoblaciones de Aranesa y razas, obtenido con la distancia DA de Nei y algoritmo NJ. La robustez probada para 1000 reemplazos sobre loci. La escala representa la distancia genética. La Roja del Rosellón actúa como outgroup.

