



VI Congresso Ibérico sobre Recursos Genéticos Animais

4ª Reunião da Sociedade Portuguesa de Recursos Genéticos Animais
8ª Reunião da Sociedade Espanhola para os Recursos Genéticos Animais



RESUMO DAS COMUNICAÇÕES



Faculdade de Ciências da Universidade de Lisboa
18 a 20 de Setembro de 2008



Sociedade Portuguesa de Recursos Genéticos Animais



ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD MITOCONDRIAL DE LA RAZA CAPRINA BLANCA DE RASQUERA EN SUS DIFERENTES ZONAS DE PASTOREO

Ferrando, A. & Jordana, J.

Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra, Barcelona, Spain.

Palabras clave: caprino, mitocondrial, D-loop, conservación, peligro de extinción.

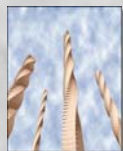
La Cabra Blanca de Rasquera es la única población caprina autóctona que todavía se puede encontrar en Catalunya. Es una raza de aptitud cárnica de tipo ambiental y su censo se estima en menos de 5000 animales. La población actual se distribuye en 12 explotaciones agrupadas en tres zonas de pastoreo. Actualmente, se está llevando a cabo un estudio de la variabilidad genética intrarracial de la Cabra Blanca de Rasquera en el marco del Programa de Conservación iniciado en el año 2003 (convenio de colaboración entre el DAR de la Generalitat de Catalunya y la Facultad de Veterinaria de Barcelona).

En el presente trabajo se presentan los resultados del análisis de la variabilidad genética mitocondrial, obtenidos a partir de la secuenciación de un fragmento de 561pb de la región D-loop, para un total de 75 animales de las tres zonas de pastoreo: zona A (N=23), zona B (N=36) y zona C (N=16). Se obtuvieron 46 haplotipos pertenecientes a dos haplogrupos mitocondriales: haplogrupo A (N=44) y haplogrupo C (N=3). La diversidad haplotípica total fue elevada ($H_d=0,983$) y la diversidad nucleotídica de $\pi=0,0189$.

La diversidad haplotípica fue similar en las tres zonas de pastoreo ($H_d=0,967 - 0,984$), encontrándose haplotipos comunes en animales de diferentes zonas y explotaciones. La topología del *network* construido mediante *median joining* resultó compleja, formando pequeños *clusters* independientes, con escasa relación respecto al origen geográfico de los animales. El análisis molecular de la varianza (AMOVA) no detectó subestructuración poblacional. Toda la variabilidad se detectó dentro de las zonas de pastoreo.

Pese a la drástica reducción en el censo de la raza, a lo largo de la segunda mitad del s.XX (pasando p.e. de los 30.000 censados el año 1995 a los menos de 5.000 en la actualidad), los valores de diversidad haplotípica observados continuaron siendo elevados. Actualmente, las explotaciones de Cabra Blanca de Rasquera mantienen un aislamiento reproductivo que no se ha detectado a nivel del análisis mitocondrial. Algunos individuos de diferentes zonas de pastoreo comparten el mismo haplotipo, probablemente como reflejo de anteriores intercambios de animales.

ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD MITOCONDRIAL DE LA RAZA CAPRINA BLANCA DE RASQUERA EN SUS DIFERENTES ZONAS DE PASTOREO



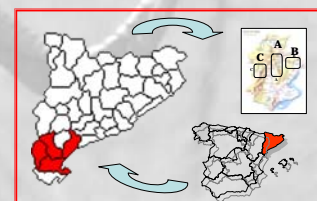
Ferrando, A. y Jordana, J.

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



INTRODUCCIÓN

La Cabra Blanca de Rasquera es la única población caprina autóctona de Catalunya (noreste de España). Es una raza de aptitud cárnica de tipo ambiental. Actualmente, se encuentra en grave peligro de extinción y su censo se estima en menos de 5000 animales. La población actual se distribuye en 12 explotaciones agrupadas en tres zonas de pastoreo. Esta raza pertenece al grupo de los descendientes del tronco *Capra prisca*. A nivel morfológico, se ha evidenciado una cierta variabilidad biométrica, con la presencia de 3 subpoblaciones diferenciadas, en función de los principales territorios de pastoreo (A, B, C, ver mapa de la derecha) (Carné *et al.*, 2007). No obstante, estas diferencias apenas se reflejaron a nivel molecular con marcadores de ADN de tipo microsatélite (Jordana *et al.*, 2007).



Actualmente, se está llevando a cabo un estudio de la variabilidad genética intraracial de la Cabra Blanca de Rasquera en el marco del Programa de Conservación iniciado en el año 2003 (convenio de colaboración entre el *Departament d'Agricultura, Alimentació i Acció Rural (DAR)* de la *Generalitat de Catalunya* y la Facultad de Veterinaria de Barcelona). Además, el estudio también se enmarca dentro de un proyecto más amplio (INIA RZ2007-00005-C02-01, Ministerio de Educación y Ciencia) sobre caracterización genética de razas caprinas españolas en peligro de extinción. En este trabajo se presentan los resultados de la caracterización genética de la raza mediante el análisis de un fragmento de la región control (D-loop) del mtDNA.

MATERIAL Y MÉTODOS

Muestras analizadas:

- Zona A (municipios de Rasquera y Tivenys): N = 23
- Zona B (municipios de Tivissa y Vandellòs): N = 37
- Zona C (municipio de Horta de Sant Joan): N = 16

Marcadores mitocondriales:

- Amplificación: *primers* Chi-pro (5' – AGCCATAGCCTCACTATCAGC – 3') y tRNA-phe (5' – TCATCTAGGCATTTCAGTG – 3', Hiendler *et al.*, 2002)
- Secuenciación: *primer* Chi-pro

Programas:

- DNAsp v4.50 (Rozas *et al.*, 2003)
- Arlequin v3.1 (Excoffier *et al.*, 2005)

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Diversidad genética

Todas las secuencias obtenidas de 76 animales de las tres zonas de pastoreo fueron alineadas para un fragmento común de 561 pares de bases del D-loop. Una secuencia presentó una inserción de 77 pares de bases y fue descartada de los posteriores análisis.

Se detectó un total de 46 haplotipos diferentes entre las 75 secuencias analizadas (Cuadro 1). La comparación con secuencias de los 6 haplogrupos descritos en la actualidad (Naderi *et al.*, 2007) mostró que los haplotipos detectados pertenecían a los haplogrupos mitocondriales A (72 secuencias, 44 haplotipos) y C (3 secuencias, 2 haplotipos) (Ver Cuadro 1 y Figura 1).

Se observó una diferencia media de 39.07 mutaciones entre secuencias de ambos haplogrupos. Dentro del haplogrupo A, el número medio de diferencias nucleotídicas entre secuencias fue de $k=8.083$ (zona A, $k=7.026$; zona B, $k=8.608$; zona C, $k=10.133$).

	N	Nº de haplotipos diferentes	Haplogrupo A	Haplogrupo C
Zona A	23	19	18	1
Zona B	36	22	21	1
Zona C	16	14	13	1
A+B+C	75	46	44	2

Cuadro 1. Número de haplotipos y haplogrupos detectados en cada zona de pastoreo. N, número de individuos analizados.

La diversidad haplotípica total fue elevada ($Hd=0.983$) y presentó valores similares en las tres zonas de pastoreo ($Hd=0.967 - 0.984$). La diversidad nucleotídica total fue de $\pi=0.01890$. Dentro del haplogrupo A, este valor fue de $\pi=0.01456$ (Cuadro 2).

Todas las secuencias	Diversidad haplotípica (Hd)	Sitios Polimórficos totales	Sitios Polimórficos informativos	Diversidad Nucleotídica
Zona A	0.984 ± 0.017	58	22	0.01765 ± 0.00459
Zona B	0.967 ± 0.014	72	35	0.01850 ± 0.00311
Zona C	0.983 ± 0.028	60	30	0.02488 ± 0.00601
A+B+C	0.983 ± 0.005	80	67	0.01890 ± 0.00243

Haplogrupo A	Diversidad haplotípica (Hd)	Sitios Polimórficos totales	Sitios Polimórficos informativos	Diversidad Nucleotídica
Zona A	0.983 ± 0.018	33	19	0.01266 ± 0.00111
Zona B	0.965 ± 0.015	50	32	0.01534 ± 0.00107
Zona C	0.981 ± 0.031	36	25	0.01806 ± 0.00171
A+B+C	0.982 ± 0.005	63	45	0.01456 ± 0.00080

Cuadro 2. Diversidad haplotípica y nucleotídica, número de posiciones nucleotídicas polimórficas totales e informativas en cada una de las zonas de pastoreo, para todas las secuencias y únicamente dentro del haplogrupo A.

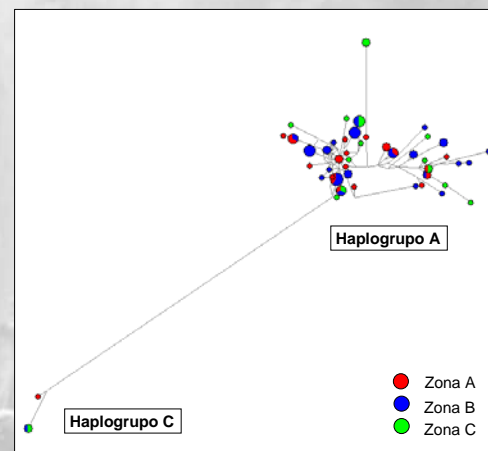


Figura 1. Topología del *median-joining network* de las secuencias D-loop de la Cabra Blanca de Rasquera. Se aprecia la existencia de dos haplogrupos bien definidos. El tamaño de los círculos es proporcional al número de secuencias por haplotipo.

Estructuración de las poblaciones

Se encontraron haplotipos comunes en animales de diferentes zonas y explotaciones. La topología del *network* construido mediante *median joining* resultó compleja, formando pequeños clusters independientes, con escasa relación con el origen geográfico de los animales (Figura 1). El análisis molecular de la varianza (AMOVA) no detectó subestructura poblacional. Toda la varianza se detectó dentro de las zonas de pastoreo.

Conclusiones

Pese a la drástica reducción en el censo de la raza durante la segunda mitad del siglo pasado, los valores de diversidad haplotípica fueron elevados. Actualmente, las explotaciones de Cabra Blanca de Rasquera mantienen un aislamiento reproductivo que no se detecta a nivel del análisis mitocondrial. Algunos individuos de diferentes zonas de pastoreo comparten el mismo haplotipo, probablemente como reflejo de anteriores intercambios de animales.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el *Departament d'Agricultura, Alimentació i Acció Rural (DAR)* de la *Generalitat de Catalunya*, y por el proyecto de investigación RZ2007-00005-C02-01 concedido por el *Instituto Nacional de Investigaciones Agroalimentarias (INIA)*. También queremos agradecer a todos los ganaderos de la raza la colaboración, e inestimable ayuda, mostrada en todo momento.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Carné, S., Roig, N. y Jordana, J. 2007. La Cabra Blanca de Rasquera: caracterización morfológica y faneróptica. *Archivos de Zootecnia*, 56, 319-330.
- Hiendler, S., Kaupe, B., Wassmuth, R. y Jankó, A. 2002. Molecular analysis of wild and domestic sheep questions current nomenclature and provides evidence for domestication from two different subspecies. *Proc. R. Soc. Lond. B.*, 269, 893-904.
- Jordana, J., Marmi, J., Carné, S. y Ferrando, A. 2007. Caracterización genética del último reducto caprino autóctono de Catalunya: la Cabra Blanca de Rasquera. VIII Simposio Iberoamericano sobre conservación y recursos zootenéticos, 13-15 de noviembre. Quito (Ecuador). Libro de Congreso.
- Naderi, S., Rezaei, H.R., Taberlet, P., Zundel, S., Rafat, S.A., Naghash, H.R., El-Baroudy, M.A.A., Ertugrul, O. y Pompanon, F. 2007. Large-scale mitochondrial DNA analysis of the domestic goat reveals six haplogroups with high diversity. *PLoS ONE*, 10, e1012.
- Rozas, J., Sánchez-DelBarrio, J.C., Messeguer, X. y Rozas, R. 2003. DnaSP. DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19, 2496-2497.
- Excoffier, L., Laval, G. y Schneider, S. 2005. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online*, 1, 47-50.