

**ESTRUCTURA GENETICA ESPACIAL DERIVADA DE CARACTERES ALOZÍMICOS SANGUÍNEOS EN LAS POBLACIONES DE "PYRINEAN BROWN" (BRUNA DELS PIRINEUS), UNA RAZA RARA LOCAL DE VACAS EN CATALUNYA (ESPAÑA).**

**MANUEL RUIZ-GARCIA<sup>1,2</sup> & JORDI JORDANA<sup>3</sup>. 1 UNIDAD DE GENETICA (GRUPO DE BIOLOGIA EVOLUTIVA). DEPARTAMENTO DE BIOLOGIA. FACULTAD DE CIENCIAS. PONTIFICIA UNIVERSIDAD JAVERIANA. CRA 7A NO 43-82. BOGOTA D.C. COLOMBIA. 2 CIGEEM, AVD.VIRGEN MONTSERRAT 207 6<sup>a</sup> 1<sup>a</sup>, BARCELONA, 08026, ESPAÑA. 3 UNITAT DE GENETICA I MILLORA ANIMAL. DEPARTAMENT DE PATOLOGIA I DE PRODUCCIO ANIMALS. FACULTAT DE VETERINARIA. UNIVERSITAT AUTONOMA DE BARCELONA 08193. BELLATERRA (BARCELONA), ESPAÑA.**

En los últimos años diferentes grupos de investigación han puesto de manifiesto que una enorme cantidad de los recursos genéticos existentes en animales domésticos están disminuyendo aceleradamente debido a la mezcla genética causada por el hombre en su constante transportar de éstos de un lugar a otro (Baker et al., 1993). Un caso interesante es el de una raza local de vacas que se encuentra en los pirineos catalanes denominada Bruna dels Pirineus (Pyrenean Brown). El origen de esta vaca es reciente, de hace aproximadamente un siglo. Proviene del cruce de la "Brown Swiss" procedente de Francia, e introducida por el Vall d'Aran, con diferentes ecotipos de la raza "Pirenaica". En la actualidad cuenta entre 8.000 y 10.000 ejemplares lo que la categoriza como raza de posible alto riesgo de desaparición en un futuro próximo (Bodó, 1992). Todo ello (origen reciente, a partir de un punto geográfico concreto, con un sustrato de diferentes ecotipos originales y un número efectivo pequeño) puede llevar a pensar, a priori, en la posibilidad de que se haya generado una fuerte estructura genética espacial en esta raza de vacas. Para ello, se obtuvieron 543 muestras sanguíneas procedentes de 9 poblaciones (Vall d'Aran, Alta Ribagorça, Pallars Jussà, Cerdanya, Ripollés, Vallferrera, Espòt-Llessú, Isil y Llavorsí). Se analizaron 5 loci por medio de diferentes técnicas electroforéticas. El sistema hemoglobina (Hb) fue analizado por electroforesis horizontal en agarosa, y los sistemas plasmáticos, como la Albumina (Alb), por un lado, y la Transferrina (Tf), el componente grupo específico (Gc) y la post-transferrina 2 (Ptf-2), por otro, fueron analizados utilizando geles de almidón y de poliacrilamida en electroforesis horizontal, respectivamente. Los resultados genético poblacionales obtenidos fueron los siguientes: (A) Todas las poblaciones de vacas mostraron estar en perfecto equilibrio Hardy-Weinberg para esos 5 marcadores genéticos al utilizar el estadístico  $\chi^2$  de Robertson & Hill (1984) con la aplicación de un test múltiple de Bonferroni y con la aplicación de un test exacto de Fisher para controlar el error tipo I del 5 %. (B) Se procedió a analizar la posible existencia de heterogeneidad significativa en las distribuciones genotípicas mediante diferentes tests estadísticos. Estos fueron la  $\tau$  de Stuart, la D de Somers, el coeficiente de incerteza (U(G/P)), que mide la reducción proporcional de entropía (incerteza) de las columnas (frecuencias genotípicas) y los estadísticos de Cochran-Mantel-Haenszel. Dos loci, Tf ( $p=0.025$ ) y Alb ( $p=0.000$ ) mostraron heterogeneidad significativa, mientras que los tres restantes no lo hicieron. En general, esos 5 marcadores resultaron altamente polimórficos y con elevadas heterocigosidades esperadas. (C) Para estudiar la estructura genética espacial se utilizaron diferentes técnicas analíticas. (1) La primera de ellas se fundamentó en la obtención de correlogramas a partir del índice I de Moran y del coeficiente c de Geary con diferentes clases de distancias y con diferentes networks conectores (conexiones totales, network de Gabriel & Sokal y triangulación de Delaunay con extracción de los ejes mayores). Los tests múltiples de Bonferroni tuvieron

probabilidades asociadas que nunca rebasaron los valores significativos, por lo que se puede afirmar que hay muy poca estructura espacial. (2) Se aplicó un segundo tipo de técnicas espaciales multivariantes. Estas consistieron en el test de Mantel con distancias genéticas y con diferencias absolutas de los valores frecuenciales individuales, correlogramas multivariantes de Mantel (Legendre, 1989) estandarizados con el método de Hubert (1985) y cuya significación estadística fue medida con permutaciones de Hope (1968) y 2000 permutaciones de Dietz con las correlaciones no paramétricas de Spearman y de Kendall. Excepto el estadístico de Spearman, los demás no detectaron ningún tipo de estructura genética espacial en esas poblaciones de vacas. (3) Se aplicaron, también, los tests de aislamiento por distancia de Slatkin (1993) y de Barbuji & Canella (1987). Estos tampoco detectaron aislamiento por distancia. En general se puede afirmar que a pesar de las características que se dieron en el origen de esta raza, el flujo génico motivado por los humanos ha debido ser tan elevado y continuo que no ha permitido el desarrollo de una estructura espacial significativa, de tal manera que cualquier programa de mejora genética de estas vacas podría originarse a partir de cualquiera de las poblaciones analizadas.