

ITEA

Volumen Extra, Número 12 - Tomo I (1993)

V JORNADAS SOBRE PRODUCCION ANIMAL

ASOCIACION INTERPROFESIONAL
PARA EL DESARROLLO AGRARIO



ESTRUCTURA GENETICO-POBLACIONAL DE LA AGRUPACION RACIAL BOVINA "BRUNA DELS PIRINEUS"

Jordana, J. y Piedrafita, J.

Unitat de Genètica i Millora Animal, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona, 08193-Bellaterra

INTRODUCCION

La agrupación racial "Bruna dels Pirineus" constituye una población bovina asentada en las comarcas del Pirineo y Prepirineo catalán. Su origen más probable podría ser el resultado de una lejana absorción de algún ecotipo de la Pirenaica por la antigua Parda Alpina de carne (Benería, 1988; Martell, 1989).

La finalidad del presente trabajo consiste en realizar un estudio de la estructura genética de dicha población, a partir de la información procedente de datos bioquímicos. Conocer los niveles de variabilidad genética, el grado de diferenciación intrarracial, los coeficientes aproximados de consanguinidad de las diferentes subdivisiones, así como las relaciones genéticas entre las mismas; en otras palabras, la historia reproductiva de la raza en cuanto a las vías de intercambio genético.

MATERIAL Y METODOS

Un total de 543 individuos fueron agrupados en diferentes subdivisiones, atendiendo para ello a criterios estrictamente geográficos. El análisis intrarracial se realizó a tres niveles diferentes: Comarcas (7 poblaciones, con un tamaño promedio de muestra de 78 individuos), subdivisión de las comarcas en Subpoblaciones (13 poblaciones, tamaño promedio 42 individuos), y por último según Núcleos de Procedencia (10 poblaciones, tamaño promedio 54 individuos).

A partir de muestras sanguíneas se analizaron cinco loci polimórficos mediante técnicas electroforéticas, en concreto los sistemas Hemoglobina (Hb), Albúmina (Alb), Transferrina (Tf), Post-albúmina (Pa) y Post-transferrina 2 (Ptf2). Los valores de las frecuencias génicas nos permitieron obtener los parámetros que definen la estructura genética de una población. Todos los cálculos se realizaron mediante los programas BYOSIS-1 (Swofford y Selander, 1989) y BMDP-4M (Frane et al., 1985).

Los índices de fijación o F-estadísticos son: F_{IS} , F_{IT} y F_{ST} (Nei, 1977; Wright, 1978). Donde F_{IS} y F_{IT} indican la correlación existente entre dos gametos sacados al azar de una subpoblación y del total de la población, respectivamente, mientras que F_{ST} es la correlación existente entre dos gametos sacados al azar de cada subpoblación. Estos parámetros se relacionan según la siguiente expresión:

$$1 - F_{IT} = (1 - F_{IS})(1 - F_{ST})$$

RESULTADOS

Las frecuencias génicas y la presentación alélica, fue muy similar en todos los grupos estudiados, mostrando niveles relativamente elevados de heterocigosidad en todos ellos (entre el 25-30%). La gran mayoría de poblaciones (en los tres niveles de diferenciación geográfica) mostraron equilibrio H-W para todos sus loci, con algunas excepciones, tanto de población como de locus (principalmente el sistema Post-albúmina). La Tabla 1 muestra las frecuencias génicas del conjunto de la población.

Aunque se calcularon otros índices de distancia presentamos los correspondientes a los valores del estadístico F_{ST} (Long, 1986), ya que nos da una estimación más precisa de las diferencias genéticas entre poblaciones (coeficiente de correlación de $0,95 \pm 0,002$ con la distancia de Nei), pudiendo además en este caso obtener las significaciones estadísticas de dichos valores. El estadístico F_{ST} tomó unos valores promedio de: 0,022 entre Subpoblaciones, 0,014 entre Comarcas y 0,018 entre Núcleos de Procedencia (todos ellos altamente significativos $P < 0,001$).

A partir de aquí, centramos nuestra atención en los resultados obtenidos a nivel de Núcleos de Procedencia. Los valores de distancia F_{ST} , así como su significación estadística se muestran en la Tabla 2. Sólo un núcleo, Pallars Jussà (PJ), mostró diferencias significativas con todos los demás. El núcleo Isil (IS) mostró diferencias significativas con todos ellos, a excepción del llamado Otras Procedencias (OP), que incluye a los animales (un total de 18) con información desconocida. Sin embargo, este valor, relativamente elevado ($F_{ST} = 0,011$) y no significativo, creemos que no es real, sino debido simplemente

IVER, 12, 213-218 (1985)

a un problema de tamaño de muestra. La distancia entre Pallars Jussà (PJ) e Isil (IS) toma un valor significativo de 0,008 ($P < 0,05$).

Se realizó un análisis de cluster utilizando el algoritmo UPGMA (Sneath y Sokal, 1973) a partir de los valores de distancia $F(ST)$. Las relaciones genéticas existentes entre Núcleos de Procedencia se observan en el fenograma de la Figura 1. Se obtuvieron dos grandes *clusters*, el que forman Pallars Jussà e Isil, y el que agrupa a todos los demás núcleos. Dentro de este último *cluster* se pueden observar relaciones más o menos estrechas entre los diferentes núcleos de procedencia.

El análisis mediante los F -estadísticos de la población "Bruna dels Pirineus" cuando subdividimos a ésta según Núcleos de Procedencia dio los siguientes resultados: $F(IS) = 0,063$; $F(ST) = 0,018$; $F(IT) = 0,080$ (todos ellos con $P < 0,001$). El valor $F(IS)$ indica que, como promedio, existe un déficit del 6,3% de heterocigotos en cada Núcleo. El valor $F(ST)$ nos indica que, como promedio, existe un grado de diferenciación genética del 1,8% entre los distintos Núcleos. El valor $F(IT)$ nos indica que existe un déficit del 8,0% de heterocigotos en el conjunto de los Núcleos (población total), por tanto dicho valor podría tomarse como una medida del coeficiente de consanguinidad de la agrupación "Bruna" (Weir y Cockerham, 1984; Weir, 1990). Otra forma para estimar el coeficiente de consanguinidad aproximado de dicha agrupación, sería calcular el valor del estadístico $F(IT)$, englobando a todos los individuos en una única población ($F_{IS} = F_{IT}$ y $F_{ST} = 0$). El resultado obtenido nos da un valor de $F_{IT} = 0,046$ ($P < 0,05$). Por tanto, y en un sentido amplio, podemos aventurar que el coeficiente de consanguinidad de esta agrupación racial oscila entre el 4,6% y el 8%.

De forma similar se calcularon los coeficientes de consanguinidad de los diferentes Núcleos de Procedencia. Sólo Cerdanya (CE) mostró un valor significativo ($F_{IT} = 0,118$; $P < 0,05$).

DISCUSION

El estudio detallado de los estadísticos de variabilidad e índices de distancia genética, a nivel de las tres subdivisiones, nos permite confirmar la gran uniformidad genética de la agrupación "Bruna". El valor ($F_{ST} = 0,018$) de diferenciación genética intrarracial (núcleos de procedencia) es sustancialmente menor que el hallado en otras especies (Nei, 1975; Chesser, 1983; Smouse y Long, 1988; Jordana et al., 1992).

En cuanto a la consanguinidad, habíamos asignado en un sentido amplio, un valor entre el 4,6% y el 8% a la agrupación "Bruna". Sin embargo, cuando se analizan detalladamente cada uno de los valores $F(IS)$ para cada uno de los loci en conjunto, sólo se observan valores estadísticamente significativos en el sistema Post-albúmina ($F_{IS} = 0,142$; $P < 0,001$). Según Kidd et al. (1980), este hecho podría sustentar la posibilidad de que existieran otros factores, además de la consanguinidad, que contribuyeran a este déficit de heterocigotos, por lo que creemos que el valor de consanguinidad asignado estaría sobreestimado.

La gran uniformidad genética observada en la agrupación "Bruna" tiene que ser debida, principalmente, a la existencia de intercambio genético entre sus poblaciones. Los valores de distancia de Nei y $F(ST)$, nos sugieren que existe un flujo constante de reproductores. Sin embargo, la intensidad o grado de flujo no es la misma entre todas las subdivisiones.

De la observación del fenograma (Figura 1) podemos interpretar que los núcleos Pallars Jussà e Isil no mantienen ningún tipo de relación con los demás, y la que mantienen entre ellos tampoco es de las más consistentes. Esta ausencia de relación (aunque haciendo siempre referencia al contexto "muy uniforme" de la "Bruna dels Pirineus") se ve confirmada con el análisis de los valores de distancia y las significaciones estadísticas para con todas las demás poblaciones. Presuponemos que el proceso de deriva genética ha sido el factor que más ha influido en el proceso de diferenciación de estos dos Núcleos.

Tabla 1. Frecuencias génicas de la agrupación "Bruna dels Pirineus"

LOCUS				
Hb	Tf	Alb	Pa	Ptf-2
A: 0,759 B: 0,241	A: 0,289 D: 0,684 E: 0,027	A: 0,952 B: 0,048	A: 0,168 B: 0,832	S: 0,273 F: 0,727

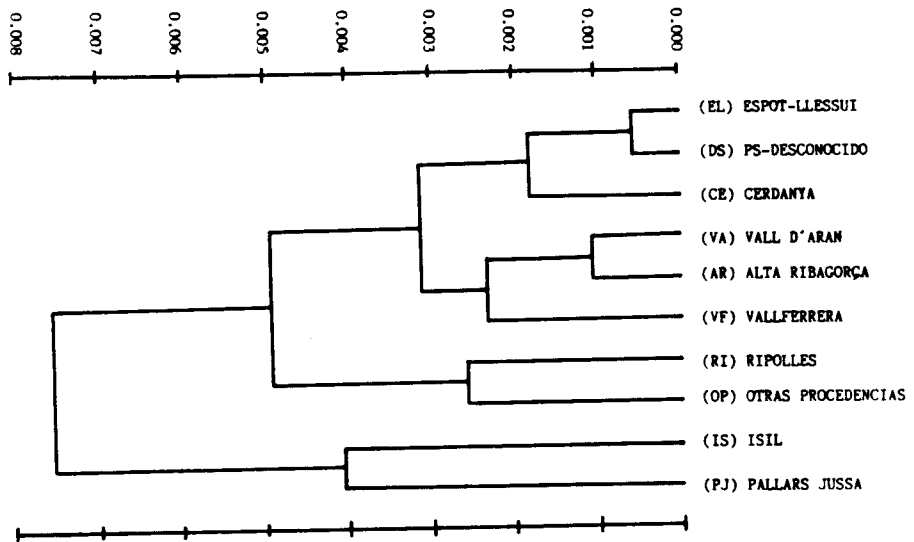
Nota: El tamaño de muestra fue de 543 individuos para todos los loci analizados

Tabla 2. Distancia F(ST) entre Núcleos de Procedencia (* P<0.05; ** P<0.01; *** P<0.001)

PROCEDENCIAS	VA	AR	VF	EL	IS	DS	PJ	CE	RI
(AR) ALTA RIBAGORÇA	0,002								
(VF) VALLFERRERA	0,005	0,004							
(EL) ESPOT-LLESSUT	0,005	0,003	0,008*						
(IS) ISIL	0,010*	0,011***	0,012*	0,011***					
(DS) PS-DESCONOCIDO	0,007	0,005	0,009*	0,001	0,006*				
(PJ) PALLARS JUSSA	0,022**	0,017**	0,021**	0,013**	0,008*	0,007**			
(CE) CERDANYA	0,006	0,005	0,007	0,002	0,016***	0,005	0,022***		
(RI) RIPOLLES	0,005	0,006	0,016**	0,006	0,010**	0,006	0,019**	0,011*	
(OP) OTRAS PROC.	0,004	0,008	0,012	0,013*	0,011	0,013*	0,030**	0,016	0,005

Nota: (VA) Núcleo de la Vall D'Aran; (DS) Pallars Sobirà Desconocido

Figura 1. Fenograma obtenido a nivel de Núcleos de Procedencia (Método UPGMA con distancia F_{ST})



BIBLIOGRAFIA

- BENERIA, M. (1988). Comunicación Personal.
 CHESSER, R.K. (1983). *Evolution*, 37, 320-331.
 FRANE, J. y col. (1985). *BMDP, Statistical Software*.
 JORDANA, J. y col. (1992). *J.Hered.*, 83, 367-374.
 KIDD, K.K. y col. (1980). *Anim. Blood Grps biochem. Genet.*, 11, 21-38.
 LONG, J.C. (1986). *Genetics*, 112, 629-647.
 MARTELL, A. (1989). Comunicación Personal.
 NEI, M. (1975). *Molecular Population Genetics and Evolution*. (North-Holland Press).
 NEI, M. (1977). *Ann. Hum. Genet.*, 41, 225-233.
 SMOUSE, P.E. y LONG, J.C. (1988). *Proc. 2nd. Inter. Conf. Quant. Genet.*, pp: 32-46.
 SNEATH, P.H.A. y SOKAL, R.R. (1973). *Numerical Taxonomy*. (W.H. Freeman).
 SWOFFORD, D.L. y SELANDER, R.B. (1989). *BIOSYS-1: User's Manual, Release 1.7*.
 WEIR, B.S. y COCKERHAM, C.C. (1984). *Evolution*, 38, 1358-1370.
 WEIR, B.S. (1990). *Genetic Data Analysis*. (Sinauer Associates).
 WRIGHT, S. (1978). *Evolution and the Genetics of Populations. Vol. 4*. (Univ. Chicago Press).

AGRADECIMIENTOS

A la "Fundació Caixa de Pensions" por su contribución a la financiación de este estudio, así como a los diferentes compañeros veterinarios que han colaborado en la obtención de las muestras sanguíneas.