



---

# DIVERSITAT GENÈTICA DINS LA POBLACIÓ DE LA CABRA CATALANA I EN RELACIÓ AMB D'ALTRES RACES CABRUNES DE LA PENÍNSULA IBÈRICA

---

Treball Final de Grau en Ciència i Salut Animal

ETSEA (UdL)

Octubre 2017

Kucherova Irina  
Tutor: Daniel Villalba Mata

## Continguts

1. Introducció .....	2
1.1 Antecedents històrics.....	2
1.2. Objectius .....	3
2. Material i Mètodes .....	3
2.1 Presa de mostres.....	3
2.2 Aïllament d'ADN.....	4
2.3 Anàlisi estadística .....	5
3. Resultats i discussió.....	5
3.1 Diversitat genètica .....	5
3.2 Al·lels nuls.....	7
3.3. Estadístics F .....	8
3.4. Anàlisi de la Variança Molecular (AMOVA).....	10
3.5. Clusterització bayesiana.....	11
3.6. Anàlisi factorial de correspondència.....	11
3.7. Relacions filogenètiques .....	13
3.8. Número efectiu .....	13
4. Conclusions .....	14
5. Bibliografia.....	15

# 1. Introducció

## 1.1 Antecedents històrics

La primera descripció documentada de la Cabra Catalana es troba en el llibre “Diccionario de Agricultura, Zootecnia y Veterinaria”, de Rosell i Vila (1928), qui la situa a les comarques pirinenques catalanes. Enric Canut en localitza durant la dècada dels anys 80 una important població a l'àrea del Prepirineu de Lleida. Aquest autor assenyala que poc temps abans es podien comptabilitzar a la Vall d'Àger (La Noguera) fins a 15.000 exemplars de cabres blanques autòctones però en aquella època el seu cens ja s'havia reduït de manera considerable i només quedaven uns quants ramats disseminats.

Carné *et al.* (2005), afirma que la raça caprina catalana es va extingir a mitjans del segle XX, encara que no especifica de quines comarques.

Parés *et al.* (2006) la donen com a extingida. La identifiquen en unes pintures medievals del segle XIV de la Segarra, en la qual s'aprecien els trets, des del seu punt de vista, més característics de la cabra catalana: banyes disposats en forma d'arc, paral·leles i dirigides cap enrere.

Totes les fonts esmentades anteriorment adscriuen la Cabra Catalana al territori del Prepirineu i Pirineu català.

En l'any 2010, es publica en la revista FEAGAS un article de Álvarez (Álvarez, 2010) en el qual l'autor comunica haver trobat un ramat de cabres que responien fidelment a les imatges del primer terç del segle XX fetes a les cabres catalanes. Des de la tardor del 2011 els animals (19 femelles i 2 mascles) són traslladats al terme municipal de Vilanova de Meià, iniciant-se d'aquesta manera el projecte de la recuperació de la cabra catalana. Aquest treball forma part del projecte d'estudi i definició de la raça, que compta amb la participació del Departament de Ciència Animal (ETSEA, UdL) i el Departament de Ciència Animal i dels Aliments (Facultat de Veterinària, UAB). Durant els anys 2012-2013 es van realitzar diversos estudis de descripció morfològica de la raça (Parés i Kucherova, 2013, 2014, 2015; Parés, 2017) que han contribuït a la definició del morfotip dels animals per part de l'Associació de Pastors de la Cabra Catalana.

Segons Gandini i Villa (2003), la conservació de les races autòctones es justifica atribuint-les, per una banda, valors de caire cultural i històric, relacionat amb la participació d'aquestes races en la vida laboral i social de la població rural; i per l'altra, contemplant-les com a recursos d'abastiment de futures demandes del mercat, així com una mena d'assegurança per als canvis esperables en les circumstàncies de la producció ramadera. Anderson (2003) apunta el valor d'aquests animals per als creuaments amb les races altament seleccionades per tal de combinar la productivitat de les últimes amb la rusticitat de les primeres en la descendència.

D'altres autors (Sherf, 2000; Parés, 2008; Avellanet, 2006; Esteban, 2008) remarquen també el rol important d'aquests animals en el manteniment de l'ecosistema en general i paisatge en particular.

## 1.2. Objectius

L'objectiu del present treball és l'estudi de la diversitat i caracterització genètica de la població de la cabra catalana, per una banda, i la comparació dels resultats obtinguts amb els paràmetres d'altres races cabrunes de la península ibèrica reconegudes oficialment, per l'altra. Aquest propòsit es vol assolir mitjançant anàlisi dels marcadors genètics del tipus microsatèl·lit de quatre races autòctones (Blanca de Rasquera, Celtibèrica, Catalana i Pirinenca), contrastant els resultats amb els de la població africana de *Zambian Dwarf* com a grup de referència aliè a la zona geogràfica (península Ibèrica).

## 2. Material i Mètodes

Únicament les dades de la població de la Cabra catalana procedeixen del treball de camp realitzat a l'abril del 2014. La resta de les dades ha estat cedida amablement pel grup de recerca de BioGoat Consortium de la Universitat de Còrdova (Amparo Martínez), de l'Autònoma de Barcelona (Jordi Jordana) i de la Universitat de Lleida (Pere-Miquel Parés).

La col·laboració indispensable de la Romi Pena (Departament de Producció Animal d'ETSEA (UdL)) va permetre dur a terme la tasca d'aïllament d'ADN de la Cabra catalana i emmagatzematge posterior de les mostres obtingudes.

### 2.1 Presa de mostres

Les mostres de sang van ser extretes aleatòriament dels animals procedents de l'únic ramat de la Cabra Catalana que es conserva avui dia en el terme municipal de Vilanova de Meià. El propòsit d'aquest mostreig era el d'estudiar la diversitat genètica i elaborar un pla de recuperació de la població preservant al màxim la seva diversitat. En Blanca celtibèrica, Blanca de Rasquera i Pirinenca les mostres extretes també han estat les de sang, i en la *Zambian Dwarf* s'han agafat els fol·licles pilosos.

L'estudi s'ha realitzat sobre 180 individus, 161 dels quals pertanyents a diferents races cabrunes espanyoles (Blanca Celtibèrica (WCB; 42), Blanca de Rasquera (WRAS; 56), Pirinenca (PYR; 20),

Catalana (CCAT; 43)) i 19 exemplars de la raça Zambian Dwarf (ZDW) originària de l'Àfrica com a grup de contrast (outgrup). La distribució geogràfica de les races estudiades està representada en la Figura 1.

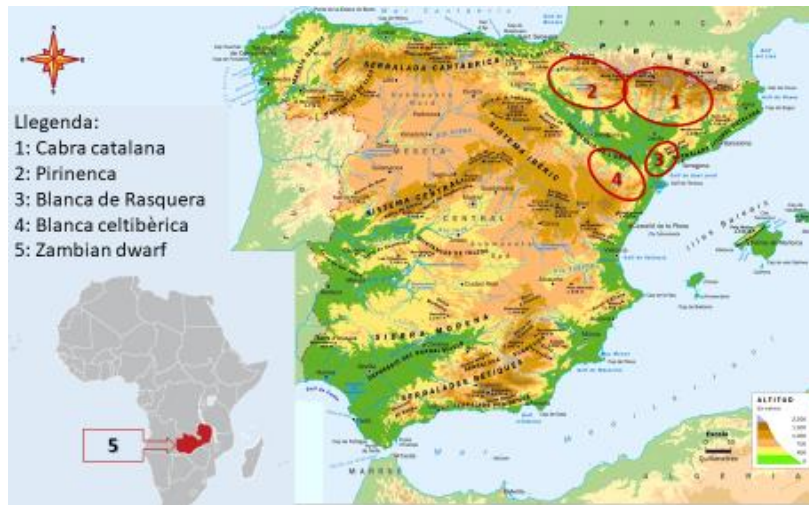


Figura 1. Distribució geogràfica de les races estudiades.

Els marcadors analitzats són del tipus microsatèl·lit i han estat escollits d'acord amb recomanacions de la FAO/ISAG (FAO, 1993), on s'aconsella el seu ús per ser altament polimòrfics, neutrals per la selecció i àmpliament utilitzats a nivell mundial en la caracterització genètica dels animals d'abast. Aquest fet contribueix a la generació del panorama general de la diversitat en els recursos zoogenètics mundials.

## 2.2 Aïllament d'ADN

L'ADN genòmic es va aïllar de les mostres de sang preses en vacutainers amb EDTA. L'aïllament dels leucòcits es va dur a terme mitjançant rentats amb TE (10 mM Tris-HCl pH8.0, 1 mM EDTA) com a solució tampó. Les membranes cel·lulars dels leucòcits van ser trencades en presència de la proteïnasa K i l'ADN es va purificar mitjançant l'extracció amb solució de fenol:cloroform, seguida de la precipitació amb etanol (Sambrook & Russell 2001). Finalment, l'ADN es va tornar a suspendre en la solució tampó TE.

La quantificació i estimació de la qualitat i puresa de l'ADN es va realitzar emprant un espectrofotòmetre Nanodrop N-1000, i la seva integritat es va determinar mitjançant l'electroforesi en gel d'agarosa al 1%. Aquest procediment es va dur a terme al laboratori del Departament de Ciència Animal (ETSEA, UdL).

L'aïllament del material genòmic de les mostres de pèl s'ha realitzat seguint la metodologia descrita per Wals *et al.* (1991) amb resina segrestant Chelex100. Aquesta operació, així com la

seqüenciació de les mostres es va realitzar al laboratori del Departament de Genètica de la Universitat de Còrdova.

Immediatament després dels procediments d'extracció, les mostres van ser emmagatzemades a -20°C.

### 2.3 Anàlisi estadística

S'ha realitzat l'anàlisi estadística dels paràmetres genètics per a descriure la probable estructura de les poblacions implicades, l'estimació de presència d'al·lels nuls i el número efectiu de cadascuna de les poblacions. Concretament, s'han analitzat els següents loci: **BM1329, BM1818, BM6506, BM6526, BM8125, CRSM60, CSRD247, CSSM66, ETH10, ETH2225, HAUT27, HSC, ILSTS11, INRA63, MAF65, McM527, MM12, OarFCB11, OarFCB48, OarFCB304, SPS115, SRCRSP08, TGLA122, SRCRSP05, SRCRSP23, SRCRSP24 i ILSTS19.**

El número d'al·lels, heterozigosi esperada ( $H_e$ ), heterozigosi observada ( $H_o$ ) i Índex de Garza-Williamson (G.-W.) han estat calculats amb el software Arlequin 3.5.2.2 (Excoffier *et al.*, 2010); rarefacció, - o riquesa al·lèlica ponderada,- i valors  $F_{st}$  ( $\theta$ ) emparellats amb FSTAT v2.9.3.2 (Goudet, 2001); freqüència d'al·lels nuls amb GenePop 1.3.2 (Rousset, 2008); número d'al·lels efectius s'han calculat amb PopGene 3.2 (Quardokus, 2000) i Coeficient d'endogàmia ( $f$ ,  $F_{is}$ ) de cada població, així com anàlisi factorial de correspondències amb Génétix 4.0.5 (Belkhir *et al.*, 2004). En el càlcul de les distàncies genètiques i dendrograma no arrelat s'ha emprat el paquet estadístic R (adegenet (Jombart, 2008; Jombart&Ahmed, 2011) i ape (Paradis *et al.*, 2004) packages) v. 3.1.3.

Programa Structure ver. 2.3.4 (Pritchard&Donnelly, 2000) s'ha emprat en l'estimació,- mitjançant la inferència bayesiana,- de probables agrupaments en les dades analitzades. I l'anàlisi emparellada d'AMOVA s'ha realitzat amb GenAlEx 6.5 (Peakall&Smouse, 2006, 2012). Amb MicroChecker 2.2.3 (Van Oosterhout *et al.*, 2004) s'ha testat la presència de loci *outliers*, i amb LDNe 1.3.1 (Waples&Do, 2008) s'ha determinat el número efectiu de cada població analitzada.

## 3. Resultats i discussió

### 3.1 Diversitat genètica

S'han analitzat 26 marcadors del tipus microsatèl·lit, - 13,8 dels quals, de mitjana, han resultat ser polimòrfics,- amb 190 al·lels en total. Aquesta mitjana tan baixa és deguda a la pèrdua de la informació en les dades de les races Pirinenca i Blanca celtibèrica, en les quals només s'han

pogut analitzar 4 i 7 *loci* respectivament. Un dels 27 marcadors inicials, CSSM66, ha hagut de ser suprimit dels procediments per alt contingut d'al·lels nuls. Entre els *loci* analitzats, el número de la informació del contingut polimòrfic (PIC) més elevat té el locus HSC (PIC=0,766), i el més baix el ETH 225 (PIC=0,119), amb 15 i 4 al·lels respectivament. El valor promig de PIC es situa a 0,598, fet que indica el grau considerable de informativitat dels *loci* estudiats. I pel que fa a la presència esperada d'heterozigots (segons Nei, 1987), es desmarquen de la resta els mateixos *loci*, essent el HSC que posseeix més diversitat (He=0,811) i el ETH 225 el que menys amb només 13,8% d'heterozigots (Dades no presentades).

Pel que fa a la riquesa al·lèlica entre les poblacions estudiades, ha estat la Blanca de Rasquera la raça que posseeix el número d'al·lels més elevat (Nº al·lels = 7,76) i la Zambian Dwarf la més pobre (Nº al·lels = 4,96), de mitjana. Corregint aquests valors per número mínim d'individus (rarefacció al·lèlica), la Pirinenca passa a ser la més diversa, tot i que la Zambian Dwarf segueix mostrant els números més reduïts del conjunt, amb 5,96 i 4,31 al·lels respectivament. Els valors més alts de la freqüència d'al·lels nuls (0,068), així com el número d'al·lels efectius (4,12) han estat detectats en la població de la Blanca celtibèrica, mentre que la Cabra catalana presenta freqüència d'al·lels nuls més baixa (0,037) i la Zambian Dwarf, tenint la mateixa freqüència d'al·lels nuls que la Blanca celtibèrica, és la població amb menys al·lels efectius de la mostra (2,687).

Per a visualitzar la història demogràfica recent de cada població, s'ha calculat l'estadístic de Garza-Williamson (Garza i Williamson, 2001; Excoffier *et al.*, 2005) que ha demostrat ser sensitiu a les situacions de coll d'ampolla, partint de què el nombre dels al·lels serà més reduït en comparació amb el seu rang quan una població acaba de superar situacions de deriva genètica. Aquesta població mostrarà un valor baix d'aquest índex, mentre que en les poblacions estacionàries tendirà a 1. Com es pot comprovar en la Taula 1, totes les poblacions estudiades exhibeixen valors baixos, fet que recalca la situació complicada que viu la cabanya cabruna actualment.

Es pot destacar un dèficit moderat d'heterozigots en general, tret de la població de la Cabra catalana, on se'n ha trobat l'excés (Taula 1). Presumiblement, aquest aspecte explica la diferenciació marcada de la Cabra catalana d'altres poblacions cabrunes.

Els nivells de diversitat genètica mostrats en els resultats estan dins del rang i en consonància amb els obtinguts en altres treballs sobre les races peninsulars (Martínez *et al.*, 2012, 2015; Serrano *et al.*, 2009), europees (Cañon *et al.*, 2006), africanes (Muema *et al.*, 2009, Chenyambuga *et al.*, 2004) i a nivell mundial (Brito *et al.*, 2017).

Taula 1. Paràmetres de diversitat genètica.

Població	n	Nº Loci	Nº al·lels (±SD)	He (±SD)	Ho (±SD)	AR <sub>10</sub>	F <sub>NA</sub>	A <sub>E</sub> (±SD)	f†	G.-W† (±SD)
Cabra Catalana	43	30	6,385 (±2,58)	0,633 (±0,1945)	0,6474 (±0,207)	4,652	0,037	3,3 (±1,4)	-0,023*	0,2819 (±0,08)
Pirinenca	20	28	6,577 (±2,42)	0,7114 (±0,16)	0,6416 (±0,19)	5,962	0,052	3,93 (±1,76)	0,101	0,2938 (±0,076)
Blanca Rasquera	56	29	7,76 (±2,63)	0,7052 (±0,1341)	0,6289 (±0,144)	5,310	0,061	3,84 (±1,63)	0,109*	0,3526 (±0,0987)
Blanca Celtibèrica	42	30	7,69 (±2,31)	0,7049 (±0,1763)	0,6177 (±0,1602)	5,785	0,068	4,12 (±1,72)	0,126*	0,3268 (±0,1)
Zambian Dwarf	19	29	4,96 (±1,8)	0,5655 (±0,1791)	0,521 (±0,185)	4,315	0,068	2,687 (±1,22)	0,081	0,2356 (±0,0977)

N : número d'individus en la mostra; He: heterozigosi esperada; Ho: heterozigosi observada; AR<sub>10</sub>: rarefacció al·lèlica (núm. mínim d'individus: 10); F<sub>NA</sub>: freqüència d'al·lels nuls; A<sub>E</sub>: número d'al·lels efectius; f: coeficient d'endogàmia (Weir & Cockerham, 1984; \*: valor estadísticament significatiu, p≤0,05); G.-W.: Índex de Garza-Williamson corregit. †: càlculs corregits per al·lels nuls.

### 3.2 Al·lels nuls.

Els al·lels nuls són aquells al·lels que no s'han amplificat en el procés del genotipat (Van Oosterhout et al., 2004; Dakin i Avise, 2004). Això pot ser degut a 4 factors (Dakin i Avise, 2004):

1. Mutacions en els "primers" o encebadors. En particular, en terminació 3'
2. Amplificació diferenciada en funció del tamany d'al·lel. Els al·lels curts s'amplificaran amb més facilitat i, per tant, en més quantitat
3. Pobre qualitat i/o quantitat de l'ADN-patró
4. El marcador correspon al gen lligat al sexe.

Segons diversos autors (Chybicki i Burczyk, 2009; Carlsson, 2008; Chapius i Estoup, 2007; Dakin i Avise, 2004), els anomenats al·lels nuls interfereixen substancialment en estimacions de diversos paràmetres genètics inter- i intrapoblacionals.

Amb finalitat de minimitzar l'esmentat biaix s'ha utilitzat MikroChecker 2.2.3 (Van Oosterhout et al., 2004), per a determinar si existeixen *loci* amb al·lels nuls i quins són. Els resultats d'aquesta anàlisi figuren en la Taula 2. Tenint en compte els resultats obtinguts,- presència



significativa d'al·lels nuls en 4 de les 5 poblacions de la mostra,- el marcador CSSM66 ha estat exclòs de les anàlisis posteriors.

Taula 2. Marcadors amb presència d'al·lels nuls

Marcadors	Poblacions				
	CCAT	CIB	PYR	RAS	ZDW
BM1329		Y*			
BM1818		Y <sup>2</sup>		Y*	
BM6506			Y**		
CSSM66	Y**	Y*		Y***	Y***
HAUT27		Y*		Y <sup>2</sup>	
HSC				Y <sup>2</sup>	
INRA063	Y <sup>1</sup>		Y***		
MM12			Y <sup>2</sup>		
OarFCB048		Y*		Y <sup>2</sup>	
OarFCB304			Y*	Y***	
SRCRSP08		Y <sup>2</sup>			
SRCRSP05				Y <sup>1</sup>	Y**
SRCRSP24		Y***	Y <sup>1</sup>	Y <sup>1</sup>	

(Y). \*: significatiu ( $p \leq 0,05$ ); \*\*: significatiu ( $p \leq 0,01$ ); \*\*\*: significatiu ( $p \leq 0,001$ ); 1: no s'ha pogut dur a terme l'anàlisi estadística perquè el 50% dels al·lels del locus és d'una mateixa classe; 2 : possible presència d'al·lels nuls indica l'excés general d'homozigots.

### 3.3. Estadístics F

Els estadístics F han estat calculats segons mètode descrit en Weir&Cockerham (1984) amb Génétix 4.0.5 (Belkhir *et al.*, 2004),- tret la  $\theta$  que ha estat calculada amb FSTAT (Goudet, 2001),- i les distàncies genètiques emparellades derivades d'aquests estadístics (distàncies de Nei (Nei & Li, 1979), Da) amb Arlequin, realitzant el diagrama (Fig. 1) amb Rlequin.

Els valors d'estadístics F obtinguts han estat els següents (tots els valors són significatius estadísticament ( $p$  al menys és  $\leq 0,05$  després de 1000 replicacions de *bootstrap*):

- $f$ , o coeficient d'endogàmia, explica la heterozigosis observada a nivell dels individus pertanyents a una subpoblació. Els seus valors estan recollits en la Taula 1. Només la població de la cabra catalana presenta un lleuger excés d'heterozigots ( $f = -0,023^*$ ), alhora que la resta de les races en tenen un dèficit més ( $f = 0,126^*$  en blanca celtibèrica) o menys ( $f = 0,81$  en zambian dwarf; NS) pronunciat.

- $F$ , mesura l'heterozigosi total. En aquest cas el seu valor ( $F = 0,18685$ ) indica un dèficit d'heterozigots en tot el volum mostral.
- $\theta$  valora l'heterozigosi dins d'una subpoblació respecte a una altra. Aquesta relació està representada en la Taula 3 com a distàncies emparellades de  $F_{st}$  i en la Fig. 2 com a  $D_A$ .

Taula 3. Distàncies de coancestria ( $D_R$ ) i índex de diversitat entre subpoblacions ( $\theta$ )

	Cabra catalana	Pirinenca	Blanca de Rasquera	Blanca celtibèrica	Zambian Dwarf
Cabra catalana	-	0,0985**	0,1218**	0,1288**	0,2127**
Pirinenca	0,3403	-	0,0669**	0,0645	0,1705
Blanca de Rasquera	0,3641	0,2916	-	0,0646**	0,1558*
Blanca celtibèrica	0,3769	0,2994	0,2828	-	0,1766
Zambian Dwarf	0,4887	0,4503	0,4267	0,4571	-

$F_{st}$  emparellades (superior a la diagonal; \*\*: p-valor  $\leq 0,01$ ; \*: p-valor  $\leq 0,05$ , aplicant la correcció de Bonferroni per als tests múltiples) i coeficient d'origen comú de Reynolds ( $D_R$  (Reynolds *et al.*, 1983), inferior a la diagonal).

Les diferències entre poblacions degudes a la deriva genètica i mutacions (Tajima, 1983) estan reflectides a la Figura 2. en verd damunt de la diagonal; la variació present dins de cada població, en la diagonal; i la variació entre les poblacions mesurada amb estadístics  $F$  (distància de Nei (1983),  $D_A$ ), en blau sota la diagonal.

La intensitat de color indica existència de diferències més pronunciades. Noti's, per exemple, el taronja viu en Blanca celtibèrica i la Blanca de Rasquera, les dues races amb la discrepància intrapoblacional més alta ( $f = 0,109$  i  $0,126$ , respectivament; Taula 1). També caldria destacar la distanciació substancial, - i significativa en tots els casos, - de la Cabra catalana amb la resta de les poblacions, essent-li la més propera la Pirinenca ( $\theta = 0,0985$ ;  $p \leq 0,01$ ). Una altra població que difereix significativament de la resta, és la Blanca de Rasquera (Taula 3). Es diferencia clarament l'agrupació de les races ibèriques amb distanciament moderat entre elles ( $0,0645 \leq \theta \leq 0,1288$ ), i la Zambian dwarf que mostra diferències profundes ( $0,1558 \leq \theta \leq 0,2127$ ) respecte a les poblacions peninsulars.

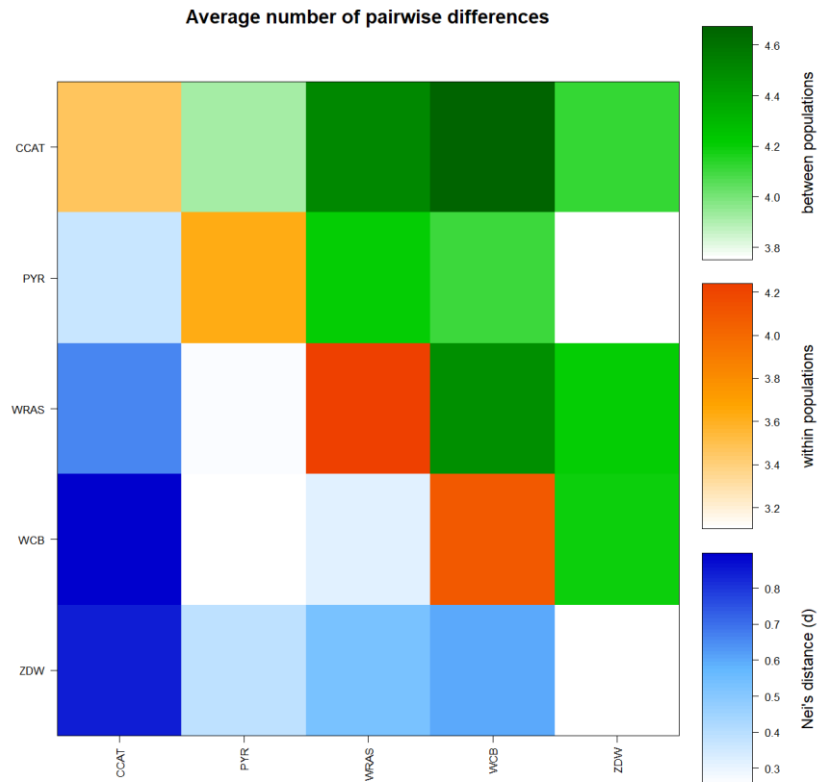


Figura 2. Diferències emparellades entre les poblacions estudiades. CCAT: cabra catalana; PYR: pirinenca; WRAS: blanca de Rasquera; WCB: Blanca celtibèrica; ZDW: zambian dwarf.

### 3.4. Anàlisi de la Variança Molecular (AMOVA)

Aquesta anàlisi s'ha realitzat amb GenALEX 6.5, l'accessori de càlcul d'estadístics genètics per a Excel, perquè permet realitzar-la sense necessitat de formar grups *a priori* dins del *pull* de dades. S'han obtingut els resultats que figuren en la Figura 3 ( $p=0,0001$ ).

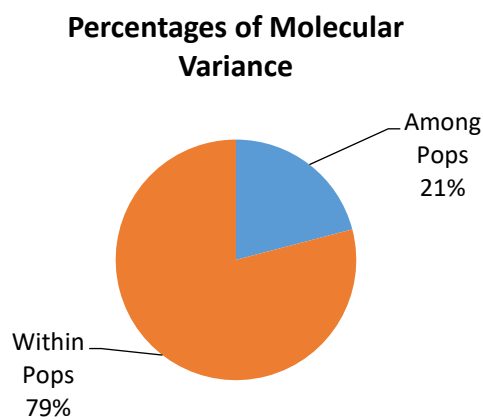


Figura 3. Representació gràfica de les fonts de la variança genètica molecular

La major part (79%) de la variació total detectada és deguda a variació entre individus, i només una quarta part d'aquesta, aproximadament (21%), és explicada per la variació interpoblacional.

### 3.5. Clusterització bayesiana

L'estimació del nombre d'agrupacions dels individus diferenciats genèticament (K), així com la proporció del seu genoma que pertany a cada grup (Q), s'ha realitzat amb Structure v.2.3.4 (Pritchard & Donnelly, 2000). S'han realitzat 20 repeticions independents de càlcul de cada K (de K=1 a K=10) amb 30000 iteracions (*burnin-in period*) de *Markov Chain Monte Carlo*, seguides de 50000 repeticions. La determinació de la K més probable s'ha realitzat seguint la metodologia descrita en Evanno *et al.* (2005). Els resultats estan representats en la Figura 4.

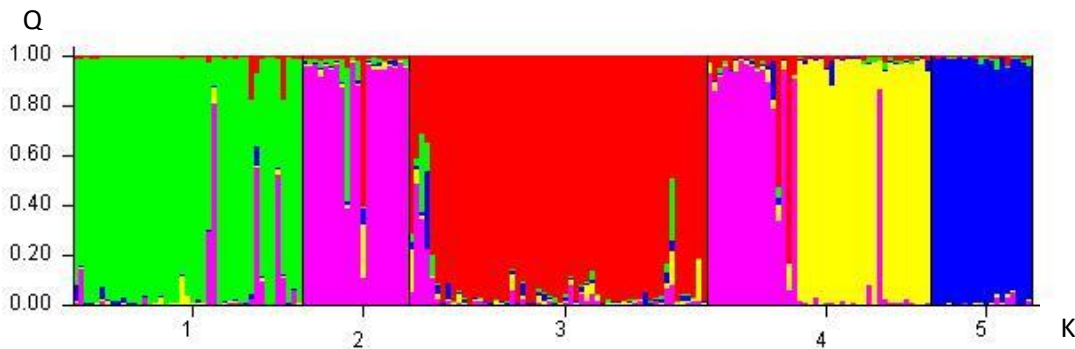


Figura 4. Diagrama de barres de l'estimació del nombre més probable de grups d'individus (K; 1: Cabra Catalana (verd); 2: Pirinenca (lila); 3: Blanca de Rasquera(vermell); 4: Blanca Celtibèrica (groc); 5: Zambian Dwarf (blau)) diferenciats genèticament i proporció del genoma de cada individu pertanyent a cada grup (Q).

Es detecten 4 grups ben definits, - Cabra catalana, Pirinenca, Blanca de Rasquera i Zambian dwarf,- essent notable la influència de la Pirinenca en el grup format per la Blanca celtibèrica. No obstant, es pot notar un cert grau de presència de cadascuna de les races peninsulars en una altra.

### 3.6. Anàlisi factorial de correspondència

Aquesta anàlisi ubica cada objecte analitzat en l'espai de les dimensions que té el conjunt de dades. En Genetix 4.0.5., el procediment calcula un espai de  $n$  dimensions, format per  $n$  factors més discriminants i derivats dels estadístics F.

En les dades analitzades s'han observat 3 factors,- amb 35,56%, 29,03% i 21,11% de contribució a la diferenciació, respectivament, - que han permès ubicar els individus en espai 3D. Els resultats estan representats en la Figura 5.

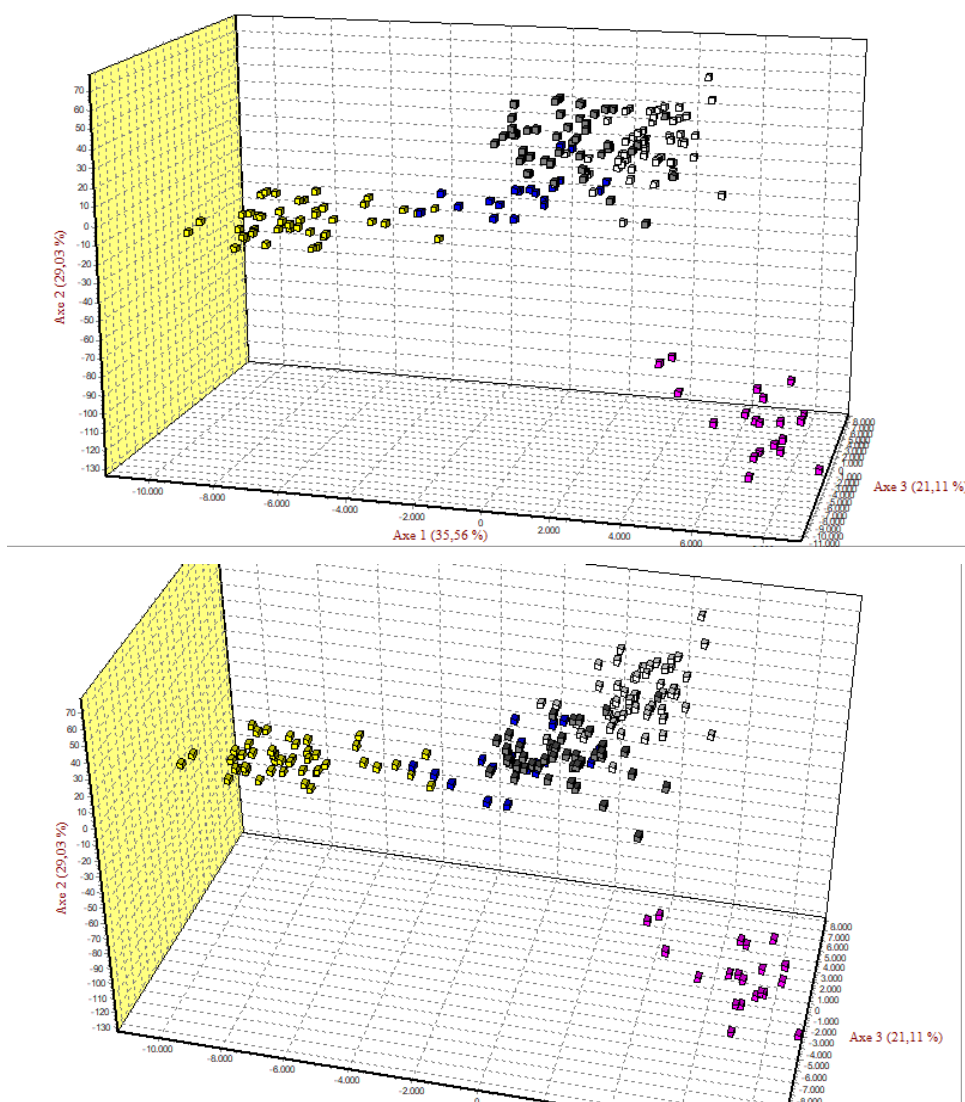


Figura 5. Anàlisi factorial de correspondència (FCA). Grog: Cabra Catalana; Blau: Pirinenca; Blanc: Blanca de Rasquera; Gris: Blanca Celtibèrica; Fúcsia: Zambian Dwarf.

Així com en l'anàlisi anterior, en els resultats de la FCA s'observen 2 grups ben diferenciats de la resta, la Cabra catalana (punts grocs) i la Zambian dwarf (en fúcsia), sobre els eixos dels 2 factors més discriminants, amb 35,56 i 29,03% de contribució a la inèrcia total. La raça que demostra més dispersió respecte al factor 1 és la Pirinenca. De fet, aquesta població no mostra un centre d'agrupació clarament definit en relació a cap dels 3 eixos.

Núvol homogeni de punts que formen sobre l'eix del factor 1 les poblacions de la Blanca de Rasquera i la Blanca celtibèrica, pren definició individual en projecció als eixos dels 2 factors restants, amb 29,03 i 21,11% del pes en l'explicació de diferències.

### 3.7. Relacions filogenètiques

Aquestes relacions han estat establertes en base a les distàncies de coancestralitat de Reynolds (Reynolds *et al.*, 1983; Taula 3) calculades amb adegenet R package (Jombart, 2008; Jombart&Ahmed, 2011; R 3.1.3) i el diagrama filogenètic no arrelat (Figura 6) s'ha construït amb el APE R package (Paradis *et al.*, 2004) mitjançant agrupacions segons l'algoritme de *Neighbour joining* (Gascuel, 1997). Aquest tipus de diagrames es recomana en el cas que un antecessor comú no estigui clarament determinat.

El diagrama obtingut corrobora la clusterització vista en l'anàlisi de FCA, on hom pot observar l'equidistància entre les races ibèriques i relativa llunyania de la *Zambian Dwarf*, així com allunyada situació de la Blanca celtibèrica respecte a la Catalana. Aquesta mateixa situació ja suggerien anteriorment diversos índex representats en la Figura 2.

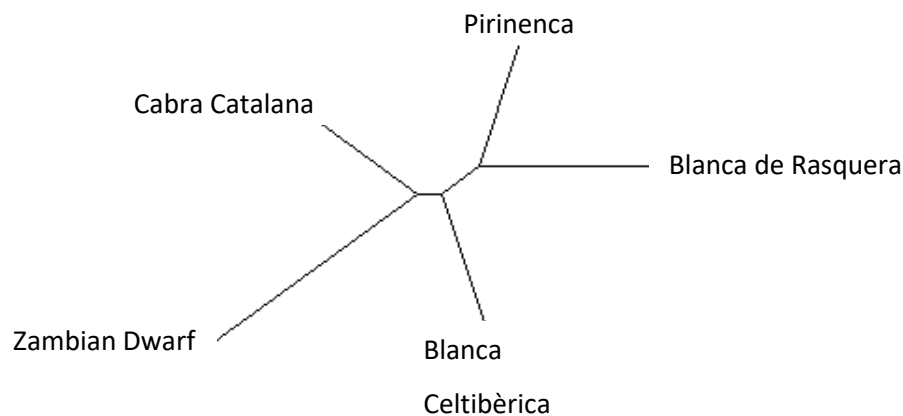


Figura 6. Diagrama filogenètic no arrelat

### 3.8. Número efectiu

El número efectiu de la població ( $N_e$ ) és un concepte fonamental en la genètica de poblacions que determina la proporció dels canvis evolutius dins la població deguts a la deriva genètica i informa sobre el nivell de l'equilibri entre la efectivitat de la selecció i la variació genètica (Waples *et al.*, 2016; Russel i Fewster, 2009). Segons Waples *et al.* (2016), aquest paràmetre sovint és molt més baix que el cens real dels reproductors, fet que exigeix l'ús dels estadístics per a la seva estimació.

El programa LDNe 1.3.1 (Waples&Do, 2008) estima  $N_e$  de la mostra basant-se en l'estimador del desequilibri de lligament entre els *loci* de Burrow,  $\Delta$ . Aquest estimador no precisa assumpcions de creuaments aleatoris o dades haplotípiques -difícilment assolibles en les poblacions naturals- per a dur a terme els càlculs.

Assumint el model de creuaments aleatoris en les poblacions estudiades, resultats estan representats en la Taula 4.

Taula 4. Estimació del número efectiu de la generació actual (de la mostra) en les poblacions estudiades segons les freqüències mínimes contemplades dels al·lels

Poblacions	Freqüències al·lels		
	95% (CI)	98% (CI)	99% (CI)
Catalana	14,5 (12,6-16,7)	18,9 (16,9-21,1)	22,8 (20,4-25,6)
Pirinenca	-23,9 $\infty$	-23,6 $\infty$	-23,6 $\infty$
Blanca de Rasquera	165,6 (118,4-264,6)	158,4 (121,2-223,8)	163,3 (125,9-227,8)
Blanca Celtibèrica	213,9 (96,8 - $\infty$ )	-99,7 $\infty$	-87,1 $\infty$
Zambian Dwarf	-81,7 $\infty$	-90,5 $\infty$	-90,5 $\infty$

CI: Confidence Interval (interval de confiança)

Els valors negatius de Ne són deguts a l'error mostral i impliquen que Ne real és infinit. Els valors numèrics dels Intervals de Confiança (CI) indiquen que la població ha superat la situació de la deriva genètica (coll d'ampolla).

## 4. Conclusions

Les anàlisis realitzades suggereixen l'existència de diversitat considerable dins les poblacions cabrunes autòctones, -i en consonància amb nivells reportats en d'altres estudis de races cabrunes peninsulars, europees, africanes i a nivell mundial- així com al·larmen sobre la seva situació demogràfica.

La manca de dades en poblacions de Pirinenca i Blanca celtibèrica, així com el nombre reduït de mostra, - només 5 poblacions,- han dificultat la realització de l'anàlisi d'una possible subdivisió genètica de les poblacions. Fet que exigiria un estudi de contrast amb un número més elevat de poblacions. No obstant, la inferència bayesiana ha permès establir uns grups hipotètics que concorden amb la distribució geogràfica de les poblacions estudiades (Fig. 6). Així com la diferenciació significativa en els resultats de les anàlisis clau (estadístics F) afirma la personalitat pròpia de la Cabra catalana dins del marc de la cabanya cabruna ibèrica.

L'estructura demogràfica observada en les poblacions cabrunes autòctones,- i en particular, les catalanes,- suggereix la necessitat de establiment dels programes de conservació i recuperació d'aquestes races com a fonts de diversitat, basats en les dades genètiques.

## 5. Bibliografia

- Álvarez, S. 2010 La raza caprina catalana. Revista de Federación Española de Asociaciones de Ganado Selecto (FEAGAS). Nº 36 (XVIII), enero-diciembre 2010.
- Anderson, S. Animal genetic resources and sustainable livelihoods. *Ecological Economics* (2003), 45(3), 331–339.
- Avellanet Torres, R. 2006 “Conservación de recursos genéticos ovinos en la raza xisqueta: caracterización estructural, racial y gestión de la diversidad en programas in situ”. Tesis doctoral. Universitat Autònoma de Barcelona.
- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Catch F (2004) GENETIX 4. 0. 5. 2 Software under Windows™ for the genetics of the populations. Laboratory genome, populations, interactions, CNRS UMR 5000. University of Montpellier II, Montpellier
- Brito L.F., Kijas J.W., Ventura R.V., Sargolzaei M., Porto-Neto L.R., Cánovas A., Feng Z., Jafarikia M. and Schenkel F.S. Genetic diversity and signatures of selection in various goat breeds revealed by genome-wide SNP markers. *BMC Genomics* (2017) 18:229 DOI 10.1186/s12864-017-3610-0
- Canut, Enric et al. Els formatges a Catalunya. Editorial Alta Fulla, El Pedrís (Barcelona), 1980. ISBN 10: 8485403207 / ISBN 13: 9788485403202
- Cañón, J., García, D., García-Atance, M.A., Obexer-Ruff, G., Lenstra, J.A., Ajmone-Marsan, P., Dunner, S., The ECONOGENE Consortium. Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. *Anim. Genet* (2006). 37, 327–334.
- Carné, S.; Roig, N.; Jordana, J. La cabra blanca de Rasquera: Caracterización morfológica y faneróptica. *Archivos de zootècnia* (2005) vol. 56, núm. 215, p. 330.
- Carlsson J. “Effects of microsatellite null alleles on assignment testing.” *J. Heredity* (2008) Nov-Dec; 99(6):616-23
- Chapuis M.-P. and A. Estoup “Microsatellite Null Alleles and Estimation of Population Differentiation” (2007) *Mol. Biol. Evol.* 24(3):621–631.
- Chenyambuga, S.W., Hanotte, O., Hirbo, J., Watts, P.C., Kemp, S.J., Kifaro, G.C., Gwakisa, P.S., Petersen, P.H., Rege, J.E.O. Genetic characterization of indigenous goats of sub-Saharan Africa using microsatellite DNA markers. *Asian-Aust. J. Anim. Sci* (2004). 17, 445–452.
- Chybicki I.J. and J. Burczyk “Simultaneous estimation of null alleles and inbreeding coefficients”. *J Heredity*.(2009) Jan-Feb;100(1):106-13
- Dakin E.E. and Avise J.C. “Microsatellite null alleles in parentage analysis”. *J. Heredity* (2004) 93, 504-509
- Esteban, C. Razas Ganaderas Españolas. III. Caprinas. FEAGAS. Madrid (2008). ISBN: 978-84-491-0880-8
- Evanno G., Regnaut, Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14 (2005), pp. 2611-2620
- Excoffier, L. and H.E. L. Lischer. Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* (2010). 10: 564-567.
- FAO Commission on genetic resources for food and agriculture. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines.



- Secondary guidelines: measurement of domestic animal diversity (MoDAD), Rome. 1993. <http://www.fao.org/docrep/014/i2413e/i2413e00.pdf> Consulted 22/01/2016.
- Frankham, R. "Effective population size/adult population size ratios in wildlife: a review", *Genetics Research* (2007), 89(5-6), pp. 491–503
- Gascuel, O. BIONJ: an improved version of the NJ algorithm based on a simple model of sequence data. *Molecular Biology and Evolution* (1997) 14:685-695.
- Gandini G.C., Villa E. Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology. *Journal of Animal Breeding and Genetics* (2003), 120(1), pp.1-11. DOI: 10.1046/j.1439-0388.2003.00365.x
- Garza JC, Williamson EG. Detection of reduction in population size using data from microsatellite loci. *Mol Ecol* (2001) 10:305-318.
- Jombart T. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers *Bioinformatics* . (2008) 24: 1403-1405. doi: 10.1093/bioinformatics/btn129
- Jombart T. and Ahmed I. adegenet 1.3-1: new tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics*. (2011) doi: 10.1093/bioinformatics/btr521
- Martínez, A.M., Gama, L.T., Delgado, J.V., Cañón, J., Amills, M., Bruno de Sousa, C., Ginja, C., Zaragoza, P., Manunza, A., Landi, V., Sevane, N. and The BioGoat Consortium. The Southwestern fringe of Europe as an important reservoir of caprine biodiversity. *Genet. Sel. Evol.* (2015) 47:86. DOI 10.1186/s12711-015-0167-8
- Martínez, A., Ferrando, A., Manunza, A., Gómez, M., Landi, V., Jordana, J., Capote, J., Badaoui, B., Vidal, O., Delgado, J.V., Amills, M. Inferring the demographic history of a highly endangered goat breed through the analysis of nuclear and mitochondrial genetic signatures. *Small Rumin. Res* (20)12. 104, 78–84.
- Muema E K, Wakhungu J W, Hanotte O and Jianlin Han. Genetic diversity and relationship of indigenous goats of Sub-saharan Africa using microsatellite DNA markers. *Livestock Research for Rural Development* (2009). Vol. 21:28.
- Nei, M., and W. H. Li. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc.Natl.Acad.Sci.USA* (1979). 76:5269-5273.
- Nei, M. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press (1987), New York, NY, USA.
- Paradis, E., Claude, J. and Strimmer, K. APE: analyses of phylogenetics and evolution in R language. *Bioinformatics*, (2004) 20, 289–290
- Parés i Casanova, P.M. 2008. Caracterització estructural i racial de la raça ovina aranesa. Tesis doctoral. Universitat Autònoma de Barcelona.
- Parés-Casanova, P.M. Determinación de índices de similitud entre diversas razas caprinas ibéricas y la Catalana. *ITEA* (2017), Vol. 113 (3), 244-249
- Parés, P.M.; Francesc, A.; Jordana, J.; Such, X. *Catalans de pèl i ploma*. Lynx Edicions. Barcelona. 2006
- Parés-Casanova, Pere M., Kucherova I. Geometric Morphometric Patterns Of Adult Females Of A Local Goat Breed. *XX International Congress of Mediterranean Federation of Health and Production of Ruminants* (2013).
- Parés, P.M., Kucherova, I. Comparison of nonlinear models to describe growth curves in the Catalan goat. *Rev Inv Vet Perú* 2014; 25(3): 390-398 DOI: 10.15381/rivep.v25i3.10117

- Parés-Casanova PM, Kucherova I. Caracteres morfoestructurales de una raza caprina recientemente recuperada. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú* (2015) 26(2): 159-165.
- Peakall, R and Smouse, PE. GenAEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28 (2012), 2537-2539. (Freely available from <http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/28/19/2537>)
- Peakall, R and Smouse, PE. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6 (2006), 288-295.
- Quardokus E. *PopGene*. *Science*, 288 (2000), pp. 458-459
- Reynolds, J. B., B. S. Weir, and C. C. Cockerham. (1983) Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105, 767–779
- Rosell i Vilà, P.M. *Diccionario de Agricultura, Zootecnia y Veterinaria*. Ed. Salvat. Barcelona 1928.
- Rousset, F. Genepop'007: a complete reimplementaion of the Genepop software for Windows and Linux. *Mol. Ecol* (2008). *Resources* 8: 103-106.
- Russell, J. C., & Fewster, R. M. (2009). Evaluation of the linkage disequilibrium method for estimating effective population size. In *Modeling Demographic Processes in Marked Populations* (pp. 291-320). Springer US.
- Sambrook J., Russell D.W. "Molecular cloning : a laboratory manual" (2001). ISBN 978-1-936113-42-2
- Sherf, B. (Ed.), 2000. *World Watch List for Domestic Animal Diversity*, 3rd ed. FAO, Rome. ISBN 92-5-104511-9
- Tajima, F. Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations. *Genetics* (1983) 105: 437-460.
- Genetics 105: 437-460. Walsh PS, Metzger DA, Higushi R. Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *Biotechniques*. (1991)10:506–13.
- Waples R.S. and Chi Do. LDNE: a program for estimating effective population size from data on linkage disequilibrium. *Molecular Ecology Resources* (2008) 8, 753–756. doi: 10.1111/j.1755-0998.2007.02061.x
- Waples R.K., W.A. Larson and R.S. Waples. Estimating contemporary effective population size in non-model species using linkage disequilibrium across thousands of loci. *Heredity* (2016) 1-8. doi: 10.1038/hdy.2016.60
- Weir, B.S. and Cockerham, C.C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* (1984). 38:1358-1370.
- Van Oosterhout C., Hutchinson W. F., Wills D. P. M. and Shipley P. "Micro-Checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data". *Molecular Ecology Notes* (2004) 4, 535–538