



**Simposio Iberoamericano sobre
Conservación y Utilización de
Recursos Zoogenéticos**



Memorias

"Año Internacional de la Biodiversidad"

17, 18 y 19 noviembre/2010

**João Pessoa-Paraíba
Brazil**

RESULTADOS PRELIMINARES DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA ASNAL IBEROAMERICANA

¹Jordana J., ¹Ferrando A., ¹Casas M., ²Loarca A., ³Martínez López O.R., ⁴Canelón J.L., ⁵Stemmer A., ⁶Aguirre L., ⁷Cassiano M.A., ⁸Álvarez L.A., ⁹Llambí S., ¹⁰Gómez N., ¹¹Martínez A. y ¹¹Delgado, J.V.

ABSTRACT: The present study has been realised in the framework of a collaboration project promoted by the CONBIAND Network. The aim of the project is to characterize genetically donkey populations from countries associated to this network, and to compare the results with the six Spanish breeds, in order to establish the phylogenetic relationships between them.

INTRODUCCIÓN

El presente trabajo se enmarca en un proyecto de colaboración conjunta, auspiciado por la Red CONBIAND, con el objetivo de: 1) caracterizar genéticamente la población asnal de los diferentes países Iberoamericanos asociados a la Red y 2) comparar estas poblaciones con las seis razas oficialmente reconocidas en España (Andaluza, Balear, Catalana, Encartaciones, Majorera y Zamorano-Leonesa). La Península Ibérica siempre ha mantenido estrechas relaciones con los países Iberoamericanos desde el punto de vista histórico, comercial y cultural. Por ello, se pretenden establecer las relaciones genéticas y filogenéticas entre sus poblaciones asnales.

En este estudio se presentan los resultados obtenidos de forma preliminar con 14 marcadores de ADN de tipo microsatélite.

MATERIALES Y MÉTODOS

En el estudio se han incluido muestras de pelo de 75 asnos originarios de nueve países iberoamericanos asociados a la Red CONBIAND (Figura 1). El ADN de las muestras fue extraído con el kit comercial DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen, Valencia, CA, USA) siguiendo el protocolo descrito para tejidos. Se obtuvo el genotipo de los individuos para 14 marcadores de ADN microsatélite: AHT4, AHT5, HMS2, HMS3, HMS5, HMS6, HMS7, HTG4, HTG6, HTG7, HTG10, HTG15,

¹Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra, Barcelona, Spain Jordi.Jordana@uab.cat. ²Ministerio de Agricultura, Ganadería y Alimentación. Quetzaltenango, Guatemala. ³Centro Multidisciplinario de Investigaciones Tecnológica. Dirección General de Investigación Científica y Tecnológica. Universidad Nacional de Asunción. Paraguay. ⁴Departamento de Producción e Industria Animal. Decanato de Ciencias Veterinarias. Universidad Centroccidental Lisandro Alvarado Barquisimeto. Venezuela. ⁵Facultad de Ciencias Agrícolas, Pecuarias, Forestales y Veterinaria. Universidad Mayor de San Simón. Cochabamba, Bolivia. ⁶Centro Biotecnología Reproductiva Animal. Universidad Nacional de Loja. Ecuador. ⁷Instituto de Zootecnia. 13.460-000 Nova Odessa-SP, Brasil. ⁸Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira. Colombia. ⁹Instituto de Producción Animal, Área Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de la República (UdelaR). CP11600 Montevideo, Uruguay. ¹⁰Decano de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Nacional Micaela Bastidas de Apurímac. Abancay, Perú. ¹¹Departamento de Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba. 14071-Córdoba, Spain.

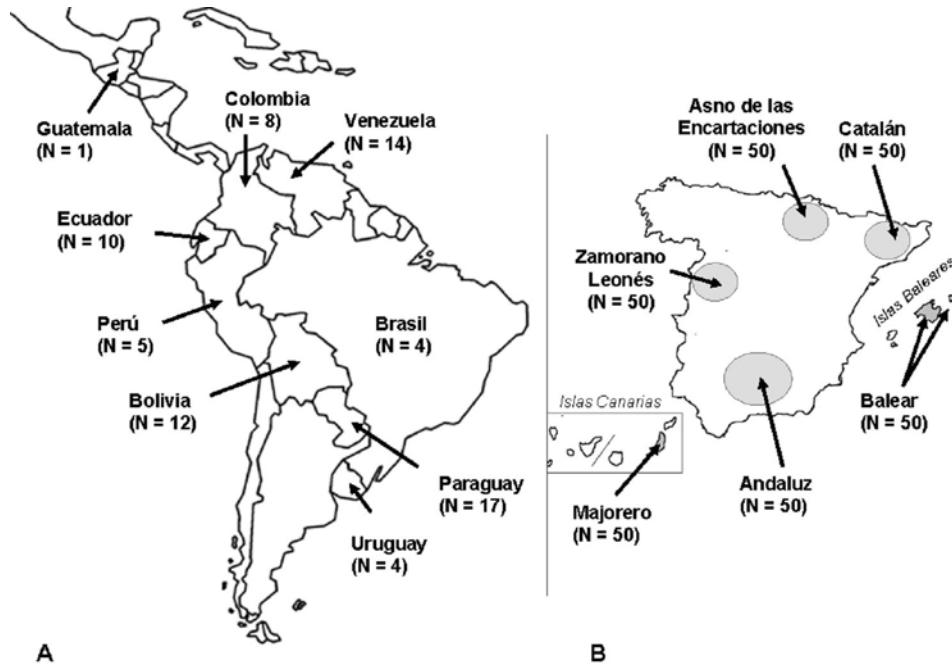


Figura 1. Origen geográfico y número de muestras incluidas en el estudio; A, países iberoamericanos; B, España: las zonas grises indican el origen mayoritario de las muestras según la raza.

VHL20 y ASB23. El marcador CA425 no pudo ser completado en un número elevado de individuos y fue excluido del análisis. Los productos amplificados por PCR fueron separados mediante electroforesis capilar en un aparato ABI PRISM 3730 (Applied Biosystems, Foster City CA, USA). Los alelos fueron analizados y tipificados con el programa GeneMapper® v3.7 (Applied Biosystems).

Los análisis de diversidad, estructura genética y el análisis factorial de las correspondencias (AFC) fueron realizados con los programas Genetix v4.05 (Belkhir *et al.*, 2001) y Fstat v2.9.3.2 (Goudet, 1995). Los datos obtenidos en la población iberoamericana fueron comparados con los de las 6 razas asnales españolas (Andaluza, Balear, Catalana, Asno de las Encartaciones, Majorera y Zamorano-Leonesa) con los mismos marcadores, incluyendo una muestra de 50 individuos por raza. Se estimó la riqueza alélica con el programa Molkin v3.0 (Gutiérrez *et al.*, 2005).

RESULTADOS Y DISCUSION

Se halló un total de 79 alelos para 14 *loci*, con una media de 5,6 alelos por *locus*, para el conjunto de 75 individuos iberoamericanos. Todos los alelos fueron compartidos con una o más razas españolas, excepto el alelo 160 en el *locus* HTG7, que sólo se halló en individuos Iberoamericanos. La riqueza alélica calculada para un tamaño de 48 individuos fue de 5,4, y se situó dentro del rango de las razas españolas peninsulares (rango: 5,3 - 6,1), excluyendo la Majorera (4,5). El

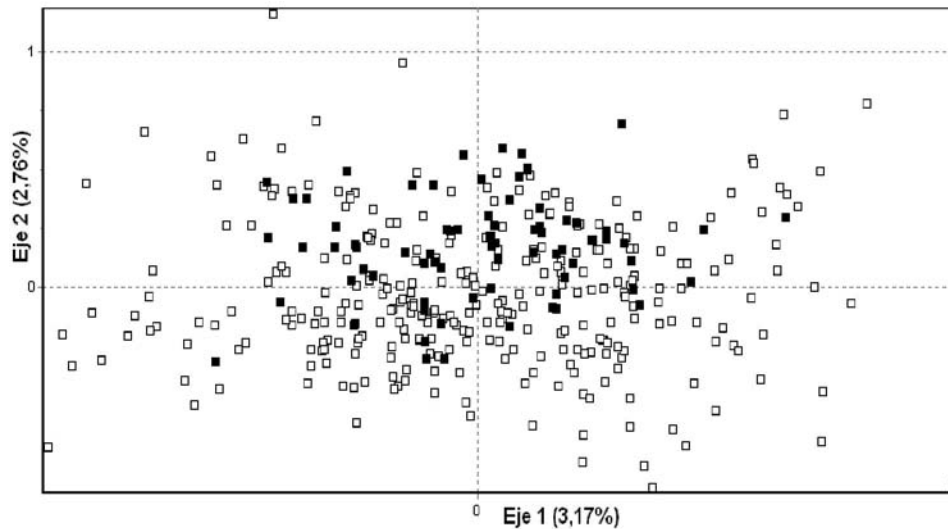


Figura 2. AFC de las seis razas españolas (cuadrados blancos) y del grupo de asnos iberoamericanos (cuadrados negros). Se indica el valor de inercia en los ejes para los dos primeros factores

AFC mostró que los individuos iberoamericanos no se agruparon de forma separada a las razas españolas (Figura 2).

La heterocigosis esperada para el conjunto de asnos iberoamericanos analizados fue de $H_E = 0,561 (\pm 0,241)$. El grupo presentó una desviación muy significativa del equilibrio de Hardy-Weinberg con un exceso de homocigosis ($F_{IS} = 0,118, P < 0,001$). Este resultado es coherente con la existencia de una estructuración genética de la metapoblación iberoamericana, que se analizará con más detalle incluyendo un mayor número de muestras por país.

CONCLUSIONES

Los resultados indican que la diversidad de las razas americanas podría proceder de un *pool* genético ibérico, y que no se han producido divergencias genéticas importantes desde su establecimiento en América. Es probable que exista una subestructura poblacional entre las poblaciones americanas. Esta hipótesis será contrastada, con un mayor número de muestras y países.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a la Red CONBIAND las facilidades ofrecidas, dentro de su marco institucional, para la conexión e interrelación entre sus diferentes miembros.

BIBLIOGRAFIA

- Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste 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).
- Goudet J. (1995). FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics. *J. Hered.*, 86: 385-386.
- 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. *J. Hered.*, 96: 718-721.