

IX SIMPOSIO IBEROAMERICANO SOBRE CONSERVACIÓN
Y UTILIZACIÓN DE RECURSOS ZOOGENÉTICOS

MEMORIAS

Tomo I



Diciembre:
10-11-12 de 2008



Hotel "13 de Julio"
Mar del Plata | Bs. As.



Universidad Nacional
de Lomas de Zamora



agrarias
Facultad de Ciencias Agrarias - UNLZ



CUANTIFICACIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN LAS RAZAS ASNALES ESPAÑOLAS PARA ESTRATEGIAS DE CONSERVACIÓN.

QUANTIFICATION OF THE GENETIC DIVERSITY OF SPANISH DONKEY BREEDS FOR CONSERVATION STRATEGIES

Ferrando, Ainhoa¹; Goyache, Félix² y Jordana, Jordi^{1*}

¹Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra, Barcelona, Spain. Jordi.Jordana@uab.cat.

²Área de Genética y Reproducción Animal, SERIDA, 33203-Gijón, Spain

RESUMEN

En España están reconocidas oficialmente seis razas asnales: Andaluza, Asno de las Encartaciones, Balear, Catalana, Majorera y Zamorano-Leonesa. Todas ellas sufrieron una grave decadencia que las dejó al borde de la extinción. Actualmente, existen diferentes metodologías para cuantificar la contribución de las poblaciones a la diversidad genética total, con el objeto de asesorar el establecimiento de programas de conservación. En este trabajo se analiza la contribución genética individual dentro de cada raza, entre razas y total, a la diversidad de las 6 razas asnales españolas, para su aplicación en estrategias de manejo y de conservación.

Palabras clave: microsatélites, variabilidad, peligro de extinción, priorización de razas, conservación

SUMMARY

There are six donkey breeds officially recognized in Spain: "Andaluza", "Asno de las Encartaciones", "Balear", "Catalana", "Majorero" and "Zamorano-Leonesa". They all suffered a severe decline that placed them at the edge of extinction. There are different methods to quantify the contribution of populations to the total genetic diversity, in order to advise the establishment of conservation programs. In the present study, the individual within-breeds, between-breeds and total genetic contributions to the diversity of the six Spanish donkey breeds have been analyzed, using three different approaches. These results will be useful for the implementation of management and conservation strategies.

Keywords: microsatellites, variability, risk of extinction, breed priority, conservation

INTRODUCCIÓN

Existen seis razas de asnos reconocidas de forma oficial en España: Andaluza, Asno de las Encartaciones, Balear, Catalana, Majorera y Zamorano-Leonesa. En las décadas de los años 60 y 70, el severo declive que sufrieron, debido a la mecanización del campo y el desplazamiento de las zonas rurales, las dejó al borde de la extinción. Todas están incluidas entre las razas de protección especial en el Catálogo Oficial de Razas de Ganado de España (RD 1682/1997).

Durante los últimos años se han desarrollado diferentes metodologías para cuantificar la contribución de las poblaciones a la diversidad genética total de una metapoblación, con el objeto de asesorar el establecimiento de programas de conservación. Una de ellas propone, como forma de priorización de las poblaciones, el mantenimiento de la máxima diversidad génica de Nei total en las razas preservadas, lo que equivale a minimizar la coascendencia molecular total (Caballero y Toro, 2002). Otra metodología propuesta por Petit *et al.* (1998) se basa en la estimación de la contribución de una población a la riqueza alélica total de la metapoblación. Finalmente, el método de Weitzman (1992) permite calcular la contribución marginal de cada población a la diversidad total basándose en matrices de distancias.

En este trabajo se analiza la contribución genética de cada raza a la diversidad de las 6 razas asnales españolas, utilizando estas tres metodologías. Las contribuciones a la diversidad genética se evaluarán dentro de cada raza, entre razas y para el total de las poblaciones evaluadas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Un total de 50 individuos, para cada una de las razas: Andaluza, Catalana, Encartaciones, Balear, Majorera y Zamorano-Leonesa, fueron genotipados con 13 microsatélites (AHT4, AHT5, HMS2, HMS3, HMS5, HMS6, HMS7, HTG10, HTG15, HTG4, HTG6, HTG7 Y VHL20). Todas las muestras fueron reanalizadas con independencia de la existencia de registros anteriores.

Se calcularon las heterocigosis esperadas y observadas, desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg, coascendencia molecular y número medio de alelos por *locus* con el programa Molkin v3.0 (Gutiérrez *et al.*, 2005). Los cálculos que incluyeron remuestreo fueron obtenidos mediante 1000 réplicas. También se estimó la contribución dentro ($gGD_{W_i}; C_{W_i}$), entre razas ($gGD_B; C_B$) y total ($gGD_T; C_T$) a la diversidad global mediante los métodos de Caballero y Toro (2002) y Petit *et al.* (1998). Se utilizó el programa WEITZPRO (Derban *et al.*, 2002) para calcular los valores de la diversidad marginal de Weitzman dentro (V_W) y entre (V_B) razas. La diversidad conjunta fue calculada como $V_A = F_{ST} V_B + (1 - F_{ST}) V_W$ (Ollivier y Foulley, 2005). Contribuciones positivas de una población siguiendo el método de Caballero y Toro (2002) indican que el resto del grupo ve aumentada su diversidad genética global al desaparecer esa población. En cambio, valores positivos, siguiendo el método de Petit *et al.* (1998), indican que el resto del grupo tendría una menor riqueza alélica si desapareciera esa población. Los valores obtenidos con el método de Weitzman siempre son positivos, pues se basa en que la desaparición de un grupo siempre provoca una pérdida de diversidad.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La heterocigosis esperada total fue de 0,589, variando de 0,503 (Majorera) a 0,589 (Encartaciones). La mayoría de razas mostraron ligero déficit de heterocigotos, excepto la Majorera ($0,070 \pm 0,035$) y la Zamorano-Leonesa ($0,049 \pm 0,032$). La Majorera mostró la mayor similitud genética, con un coeficiente de coascendencia molecular ($f = 0,499 \pm 0,011$), y el valor más bajo fue para Encartaciones ($f = 0,415 \pm 0,009$). El número medio de alelos por *locus* varió entre 4,5 (Majorera) y 6,2 (Encartaciones). Los valores de F_{IS} , F_{ST} y F_{IT} fueron de 0,006 ($\pm 0,012$), 0,062 ($\pm 0,004$) y 0,068 ($\pm 0,012$), respectivamente.

Las razas que producirían una mayor pérdida en la diversidad génica total de Nei si desaparecieran, serían: la Andaluza (-1,3%) y la Zamorano-Leonesa (-1,1%) (Tabla 1). En cambio, el Asno de las Encartaciones (+2,8%) fue la que más contribuyó a la riqueza alélica total, seguido de la Zamorano-Leonesa (+1,4%) y Andaluza (+1,3%). El valor conjunto, a la diversidad de Weitzman, también favoreció a las razas Andaluza (+21,7%) y Zamorano-Leonesa (+21,1%). Por otro lado, las razas Catalana y Majorera presentaron los menores valores de contribución según los tres métodos. El asno Majorero presentó los mayores valores de contribución a la diversidad entre razas, probablemente como consecuencia de

su mayor aislamiento geográfico; pero también presentó los menores valores dentro de raza, debido a su mayor similitud genética y probablemente como consecuencia de su escaso censo poblacional (alrededor de 200 animales). En la raza Catalana existe un rebaño con un elevado porcentaje del censo total, que presenta valores de coascendencia molecular sensiblemente más elevados que el resto de la raza. Este hecho también podría haber contribuido a la baja posición de esta raza en las escalas de priorizaciones, según las tres metodologías.

Cabe destacar, sin embargo, que ninguna raza mostró un valor mucho más destacado de contribución a la diversidad global respecto a las demás. La estimación de la contribución de las razas a la diversidad global permitirá planificar estrategias de apareamientos para maximizar la riqueza y la diversidad genética de las razas.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a las diferentes asociaciones las facilidades prestadas en la toma de muestras. Así mismo al DAR (Generalitat de Catalunya) por la financiación del estudio.

BIBLIOGRAFÍA

- Caballero, A., Toro, M.A. 2002. *Conserv. Genet.* 3:289–299.
- Derban, S., Foulley, J-L., Ollivier, L. 2002. WEITZPRO: a software for analysing genetic diversity. INRA, Paris.
- Gutiérrez, J.P., Royo, L.J., Álvarez, I., Goyache, F. 2005. *J. Hered.* 96:718-721.
- Ollivier L., Foulley, J-L., 2005. *Livest. Prod. Sci.* 95:247-254.
- Petit, R.J., El Mousadik, A., Pons, O., 1998. *Conserv. Biol.* 12:844–855.
- Weitzman, M.L., 1992. *Quart. J. Econ.* 107:363–405.

Tabla 1. Contribución de cada raza asnal analizada (en porcentaje) a la diversidad dentro y entre razas y total, calculado según la diversidad génica de Nei, la rarefacción de la riqueza alélica y la diversidad marginal de Weitzman.

	Andaluza	Catalana	Encartaciones	Majorera	Balear	Zamorano-Leonesa
GD	0.583	0.597	0.586	0.597	0.590	0.584
gGD _W	- 0.5	+ 0.9	- 1.1	+ 1.8	- 0.4	- 0.6
gGD _B ¹	- 0.8	+ 0.1	+ 0.4	- 0.8	+ 0.2	- 0.4
gGD _T	- 1.3	+ 1.0	- 0.7	+ 1.0	- 0.2	- 1.1
C _W ⁹⁴	- 2.6	- 2.1	+ 0.6	- 5.4	- 2.2	- 2.0
C _B ⁹⁴	+ 3.8	+ 1.6	+ 2.2	+ 4.8	+ 2.8	+ 3.5
C _T ⁹⁴	+ 1.3	- 0.5	+ 2.8	- 0.7	+ 0.6	+ 1.4
V _W ³	+ 21.0	+ 19.3	+ 20.5	+ 18.9	+ 20.1	+ 20.8
V _B ²	+ 32.4	+ 11.5	+ 9.4	+ 32.9	+ 14.5	+ 25.2
V _A ⁴	+ 21.7	+ 18.9	+ 19.8	+ 19.8	+ 19.8	+ 21.1

GD: diversidad génica de Nei del resto del grupo tras excluir la raza; gGD_W: contribución a la GD dentro de población;

gGD_B : contribución a la GD entre poblaciones; gGD_T : contribución total a la GD; C_W^{94} : contribución a la riqueza alélica dentro de población; C_B^{94} : contribución a la riqueza alélica entre poblaciones; C_T^{94} : contribución total a la riqueza alélica; V_W : Contribución a la diversidad de Weitzman dentro de población; V_B : Contribución a la diversidad de Weitzman entre poblaciones; V_A : diversidad conjunta de Weitzman.

¹correspondiente a la distancia mínima de Nei; ²calculado sobre la matriz de distancias mínimas de Nei entre razas;

³calculado sobre $1 -$ matriz de coascendencia entre razas; ⁴diversidad conjunta calculada como $V_A = F_{ST}(V_B) + (1 - F_{ST})V_W$.