

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



EVOLUCIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA EN LA RAZA ASNAL CATALANA A PARTIR DE DATOS GENEALÓGICOS Y MOLECULARES

EVOLUTION OF THE GENETIC DIVERSITY OF THE CATALONIAN DONKEY BREED FROM GENEALOGICAL AND MOLECULAR DATA

Ferrando, Ainhoa; Marmi, Josep; Casas, María; y Jordana, Jordi*

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

RESUMEN

Se ha realizado un análisis de los parámetros moleculares y genealógicos de la raza asnal Catalana en tres períodos distintos. Se utilizaron los datos del Libro Genealógico y se genotiparon 150 individuos muestreados según subpoblación de origen (tres subpoblaciones) y año de nacimiento: antes de 1995, entre 1995 y 2000, y entre 2001 y 2006. Los resultados mostraron que los valores medios de diversidad genética y de coascendencia molecular variaron muy poco entre los tres períodos. El análisis conjunto de datos genealógicos y moleculares mostró una gran concordancia en los resultados. Las principales diferencias observadas fueron entre subpoblaciones. Utilizando los resultados de ambos análisis se planificará la estrategia reproductiva minimizando la coascendencia molecular de las parejas reproductoras y su relación de parentesco.

Palabras clave: microsatélites, coascendencia molecular, subestructura poblacional, libro genealógico, conservación.

SUMMARY

Molecular and genetic parameters of the Catalanian donkey breed have been analyzed along three different time periods. The study included data from the Herd Book and genotypes of 150 individuals that were sampled according to their origin (three subpopulations) and year of birth: before 1995, between 1995 and 2000, and between 2001 and 2006. The results showed that the mean values of genetic diversity and molecular coancestry barely varied among the three periods. Analyses of both genealogical and molecular data showed a high agreement between results. Main differences were detected among subpopulations. On the basis of both results, a reproductive strategy will be planed in order to minimize the molecular coancestry of reproductive male and female pairs and their average relatedness.

Keywords: microsatellites, molecular coancestry, population structure, herd book, conservation.

INTRODUCCIÓN

El Asno Catalán es una población autóctona en peligro de extinción, localizada principalmente en zonas del Pirineo y del pre-Pirineo catalán (Parés *et al.*, 2005), que procede del linaje ancestral del asno de Somalia (*Equus asinus*

somaliensis). Los animales inscritos en el Libro Genealógico, reabierto en 1978, proceden mayoritariamente de cinco subpoblaciones. Dos de ellas están ubicadas en Catalunya y concentran el mayor porcentaje del censo. Las otras tres están situadas en distintas provincias españolas. Hasta diciembre de 2006, había inscritos en el Libro Genealógico 789 individuos (478 hembras), con un población viva de 489 (336 hembras). Este trabajo pretende analizar la evolución de la diversidad genética de la raza a lo largo de tres periodos distintos (antes de 1995, entre 1995 y 2000, y entre 2001 y 2006), según el origen de los animales combinando datos moleculares y genealógicos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se obtuvieron un total de 150 muestras de sangre de animales de las cinco subpoblaciones que fueron divididas en tres grupos: AFRAC (N=60), que agrupa a un gran número de criadores de Catalunya; Berga (N=60), que cuenta con el mayor número de asnos para un solo rebaño de Catalunya; y un tercer grupo (N=30), con el resto de subpoblaciones. Los individuos fueron elegidos al azar considerando únicamente su origen y año de nacimiento: antes de 1995, entre 1995 y 2000, y entre 2001 y 2006. Para cada período se incluyeron 20 individuos de AFRAC, 20 de Berga y 10 de otras localidades.

Los individuos fueron genotipados con 15 marcadores microsatélite: AHT4, AHT5, HMS2, HMS3, HMS5, HMS6, HMS7, HTG4, HTG6, HTG7, HTG10, HTG15, VHL20, CA425 y ASB23, utilizando un secuenciador automático ABI PRISM 3730 (Applied Biosystems). Los análisis de los datos fueron calculados con los programas Genetix v4.05 (Belkhir *et al.*, 2001), Fstat (Goudet, 2001) y Molkin v3.0 (Gutiérrez *et al.*, 2005).

Se utilizaron todos los registros del Libro Genealógico incluidos hasta diciembre de 2006. Se obtuvieron los valores de los coeficientes de consanguinidad (F) y de relación media (AR) así como del número de ancestros para toda la población, y para los individuos genotipados. Los análisis del Libro Genealógico fueron realizados con el programa Endog v4.0 (Gutiérrez y Goyache 2005).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Entre los 150 individuos analizados se detectó un total de 89 alelos para los 15 marcadores, con una media de 5,9 alelos por *locus*. La heterocigosis esperada para el conjunto de la población (H_E) fue de 0,57, siendo menor en Berga ($H_E=0,49$) que en AFRAC ($H_E=0,59$). Al separar los animales según el período de nacimiento, los valores de H_E presentaron pocas variaciones, pero sí disminuyó lentamente el número medio de alelos por *locus*, tanto en AFRAC como en Berga (Tabla 1). Los individuos de Berga mostraron la mayor similitud genética intra-poblacional caracterizada por un valor ponderado por PIC de los coeficientes de coascendencia molecular de 0,437. Sin embargo, los valores apenas variaron en función de la época considerada en el conjunto de la raza (Tabla 1). Por lo tanto, la menor diversidad genética de Berga y los elevados coeficientes de coascendencia molecular podrían proceder de un cuello de botella anterior a 1995.

El coeficiente medio de consanguinidad (F) y de relación media (AR) de toda la población fueron de 3,68% y 3,65%, respectivamente. El número de ancestros que explican el 50% de la variabilidad genética de toda la población viva fue de 18; de 25 para la población viva de AFRAC; y tan sólo 2 para la de Berga. Considerando únicamente los 150 animales genotipados, se obtuvieron los valores F=6,30% y AR=5,16%. Dentro de las poblaciones se detectaron valores muy superiores en Berga (F=11,83%, AR=9,06%) en comparación a AFRAC (F=2,19%, AR=2,64%) y a toda la población (Tabla 1). En general, los animales de Berga poseen una mayor profundidad de registros, hecho que influye, en parte, en los mayores valores de F y AR obtenidos. No obstante, comparando individuos con un valor similar de generaciones equivalentes, esta subpoblación siguió presentando valores más elevados.

La estrategia de manejo del rebaño Berga ha estado, desde siempre, dirigida a la obtención de individuos morfológicamente muy homogéneos. Sin embargo, el uso intensivo de unos pocos reproductores ha reducido de forma significativa la

variabilidad de la población, con elevados valores de consanguinidad y de relación de parentesco. Esta estrategia reproductiva explica la gran homogeneidad genética de la población y la menor diversidad detectada a nivel molecular, en contraposición a la estrategia llevada a cabo por los ganaderos de AFRAC, con la contribución de un mayor número de reproductores en la subpoblación. En general, la diversidad genética de la raza ha variado de forma poco significativa a lo largo de los tres períodos estudiados. A partir de los datos genealógicos y moleculares, se podrán planificar de forma más adecuada los apareamientos, de forma que permitan maximizar la diversidad genética reduciendo el coeficiente de coascendencia molecular entre los animales reproductores.

AGRADECIMIENTOS

Este estudio se enmarca en el Programa de Conservación de la Raza Asnal Catalana iniciado el año 1995 a través de un convenio de colaboración promovido y financiado por el DAR (Generalitat de Catalunya) con la Universidad Autónoma de Barcelona y la asociación de la raza (AFRAC).

BIBLIOGRAFÍA

- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufeste, 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. 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>.
- Gutiérrez, J.P., Goyache, F. 2005. *J Anim Breed Genet*, 122: 172-176.
- Gutiérrez, J.P., Marmi, J., Goyache, F., Jordana, J. 2005. *J Anim Breed Genet*, 122: 378-386.
- Gutiérrez, J.P., Royo, L.J., Álvarez, I., Goyache, F. 2005. *J Hered*, 96: 718-721.
- Parés, P.M., Francesch, A., Jordana, J., Such, X. 2005. *Catalans de Pèl i Ploma. Races Domèstiques Autòctones de Catalunya*. Lynx Edicions, Bellaterra, Barcelona.

Tabla 1. Resultados moleculares y genealógicos de los 150 animales analizados.

Grupo	Nº indiv.	Nº medio alelos/locus	F _{IS}	H _E ¹	W _{KS}	W _{MK}	F	AR	G _{eq}
AFRAC									
<1995	20	5.4	0.031	0.592	0.312	0.320	0.033	0.024	1.82
1995-2000	20	5.3	-0.025	0.590	0.310	0.316	0.009	0.025	2.26
2001-2006	20	4.9	-0.013	0.605	0.311	0.323	0.023	0.030	2.88
BERGA									
<1995	20	3.5	-0.166***	0.514	0.426	0.372	0.051	0.079	3.95
1995-2000	20	3.4	-0.009	0.463	0.452	0.384	0.148	0.096	4.93
2001-2006	20	3.3	-0.066	0.499	0.434	0.371	0.155	0.097	5.56
Todos									
<1995	50	5.7	-0.043*	0.566	-	0.342	0.041	0.047	2.72
1995-2000	50	5.5	0.034	0.560	-	0.342	0.071	0.052	3.21
2001-2006	50	5.2	-0.011	0.572	-	0.343	0.077	0.056	3.89
Total	150	5.9		0.566	0.367	0.343	0.063	0.052	3.27

¹H_E no sesgada; †: P<0.05; ***: P<0.001; F y AR, coeficiente medio de consanguinidad y de relación de parentesco, respectivamente; G_{eq}, generación equivalente; W_{KS} y W_{MK} coeficiente medio de coascendencia molecular dentro de subpoblaciones y para toda la población, respectivamente (ponderados por PIC).