



**SOCIEDADE PORTUGUESA  
DE RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS**

**1ª Reunião da Sociedade Portuguesa  
de Recursos Genéticos Animais**

**II Congresso Ibérico sobre  
Recursos Genéticos Animais**

**RESUMOS DAS  
COMUNICAÇÕES**

**Estação Zootécnica Nacional  
Vale de Santarém**

**19 e 20 de Outubro, 2000**

## CARACTERIZACIÓN DE CINCO RAZAS ASNALES ESPAÑOLAS PARA PROGRAMAS DE CONSERVACIÓN: ESTADO ACTUAL DE RESULTADOS

J. Jordana<sup>1</sup>, R. Cuenca<sup>2</sup>, M. Gómez<sup>3</sup>, J. Pastor<sup>2</sup>, J.A. Aranguren-Méndez<sup>1</sup>, E. García<sup>1</sup>, N. Alaoui<sup>1,4</sup>, R.A. Gutiérrez<sup>1</sup>, M. Ponsà<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. Uni. Autònoma de Barcelona.

<sup>2</sup>Departament de Medicina i Cirurgia Animal. Facultat de Veterinària. Uni. Autònoma de Barcelona.

<sup>3</sup>Servicio de Ganadería. Diputación Foral de Bizkaia. Avda. Lehendakari Aguirre, 9, 2º. 48014-Bilbao.

<sup>4</sup>Dep. de Biología Celular. Facultat de Ciències. Uni. Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra (Barcelona).

Las cinco razas asnales que aquí se describen (*Andaluza*, *Asno de las Encartaciones*, *Catalana*, *Mallorquina* y *Zamorano-Leonesa*) se pueden catalogar, según el baremo de la FAO, en el estatus de razas críticas en inminente peligro de extinción. Los resultados que se presentan se corresponden con la fase de caracterización racial, imprescindible para poder sentar las bases de los futuros Programas de Conservación de estas poblaciones.

Para ello, dichas razas están siendo caracterizadas a distintos niveles: morfológico, clínico (hematológico y bioquímico) y genético (cromosómico y molecular). El número de individuos analizados varía, lógicamente, dependiendo del nivel de caracterización y de la propia raza. No obstante, se disponen actualmente de más de 300 fichas morfológicas, más de 400 análisis clínicos y más de 500 análisis moleculares, siendo en todas las razas y para todos los parámetros analizados el tamaño muestral superior a 50.

Para la caracterización morfológica se han tomado un total de 26 medidas corporales, en animales adultos mayores de 3 años, y se han obtenido asimismo, un total de 12 índices zoométricos a partir de dichos datos. Se obtuvieron los estadísticos de tendencia central y de dispersión para cada población y se analizaron los efectos raza, sexo y su interacción.

De forma similar, se realizó el estudio de los parámetros hematológicos y bioquímicos, analizándose 15 y 11 variables, respectivamente. Los rangos de referencia obtenidos fueron muy similares entre las razas españolas, así como con otras mundiales. Se observó poco dimorfismo sexual para estas variables, mostrando el factor edad (> 3 años vs < 3 años) una importancia más significativa como fuente de variación.

Con respecto al análisis cromosómico, se realizaron cultivos metafásicos linfocitarios de 21 individuos no emparentados (10 hembras y 11 machos), distribuidos uniformemente por razas. Se procedió a la tinción de los cromosomas (uniforme, bandas G y bandas C) y se confeccionaron los correspondientes cariotipos ( $2n=62$ ). Se observó polimorfismo de tamaño en los cromosomas 1, 2, 3 y 4, así como, polimorfismo de bandas C (heterocromatina) en los cromosomas 1, 4 y 9 de varios individuos de diferentes razas. Se detectó una fisión céntrica del cromosoma 3 en un individuo de la raza Catalana, que quizá pudiera tener un significado evolutivo.

Un total de 513 individuos fueron analizados para 15 loci genéticos de tipo microsatélite (>70 individuos/raza). Los estadísticos de variabilidad genética no fueron significativamente diferentes entre las razas, oscilando la heterocigosidad esperada ( $H_e$ ) entre 0,637 (Mallorquina) y 0,684 (Zamorano-Leonesa). El grado de diferenciación genética entre razas fue del 4,1% ( $F_{ST} \approx \theta = 0,041$ ;  $P < 0,01$ ). Se obtuvieron estimaciones de consanguinidad ( $F_{IS} \approx f$ ) para todas las poblaciones, oscilando entre el 10,7% para la raza Mallorquina y el 21,7% para la Andaluza. Mediante un análisis de estructura subpoblacional, se discute, si el déficit observado de heterocigotos puede ser atribuible mayoritariamente al apareamiento entre parientes. Utilizando la distancia  $D_A$  de Nei y el método de agrupamiento del algoritmo NJ (neighbour-joining), se confeccionó un dendrograma de las razas, utilizando adicionalmente 9 individuos de raza Marroquí (genuino representante del *Equus asinus africanus*), y 24 caballos de raza Merens (*Equus caballus*) como población "outgroup". Las relaciones obtenidas parecen soportar la hipótesis de dos troncos ancestrales (*E. asinus africanus* vs *E. asinus somaliensis* o *E. asinus europeus*). La asignación de la raza Andaluza a uno u otro tronco queda por clarificar. Futuros estudios con ADN-m podrían ayudar a clarificar dicha asignación.