

gijón

Asturias con sal



**VII CONGRESO IBERICO
SOBRE RECURSOS
GENETICOS
ANIMALES**

**16-18 septiembre
RECINTO LUIS ADARO
Gijón 2010**

**PONENCIAS
COMUNICACIONES**

Análisis de la coascendencia molecular y genealógica entre las diferentes subpoblaciones de la raza asnal catalana y evolución de la consanguinidad

Ferrando, A.¹, M. Casas¹, J. Miró² y J. Jordana^{1*}

¹ Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra, Barcelona, Espanya

² Departament de Medicina i Cirurgia Animals. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra, Barcelona, Espanya.

Los individuos de la raza asnal Catalana se pueden subdividir en cinco subpoblaciones: dos principales localizadas en Catalunya (S1 y S2), y que siguen dos estrategias reproductivas muy diferentes, y tres más situadas en otras comunidades autónomas (S2, S3 y S4). En el marco del Programa de Conservación de la raza, se compararon los valores de coascendencia molecular y genealógica dentro y entre subpoblaciones, y se estudió la evolución del coeficiente de consanguinidad (F) de los animales según el año de nacimiento. Los análisis moleculares se basaron en los registros de 243 individuos de la población viva para 15 marcadores de tipo microsatélite. Los datos genealógicos fueron obtenidos a partir de los registros de 1001 individuos, incluyendo 622 de la población viva. Los resultados mostraron que las subpoblaciones S2 y S4 presentaban valores intra-subpoblacionales de coascendencia molecular y genealógica claramente superiores a las demás. El estudio de la evolución de la consanguinidad en las dos principales subpoblaciones (S1 y S2), según los registros genealógicos, mostró que los individuos de S2 tienen, en general, un mayor porcentaje de consanguinidad (F media individuos vivos = 12,8%) pero que se mantiene relativamente estable en el tiempo, mientras que los de S1 presentan valores más bajos (F media individuos vivos = 2,3%) pero que ha aumentado en los animales nacidos en el período 2007-2009. Por ello se discuten, para cada caso, las estrategias reproductivas más idóneas para reducir los valores de consanguinidad y la coascendencia entre individuos, para así maximizar la variabilidad genética de la raza.

ANÁLISIS DE LA COASCENDENCIA MOLECULAR Y GENEALÓGICA ENTRE LAS DIFERENTES SUBPOBLACIONES DE LA RAZA ASNAL CATALANA Y EVOLUCIÓN DE LA CONSANGUINIDAD

Ferrando, A.¹, M. Casas¹, J. Miró² y J. Jordana^{1*}

1. Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra, Barcelona, Espanya.
2. Departament de Medicina i Cirurgia Animals. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra, Barcelona, Espanya.

UAB
Universitat Autònoma
de Barcelona



INTRODUCCIÓN

El asno Catalán es una población asnal autóctona localizada mayoritariamente en áreas del Pirineo y pre-Pirineo catalán. Los asnos inscritos en el Libro Genealógico (LG) de la raza se subdividen básicamente en cinco subpoblaciones (Figura 1): dos principales localizadas en Catalunya (S1 y S2) y tres más situadas en otras comunidades autónomas (S3, S4 y S5). En un estudio previo basado en los registros del LG hasta el año 2002, se detectó una pérdida importante de diversidad genética desde el establecimiento del LG y valores elevados de consanguinidad en S2, mientras que éstos se mantenían bajos en S1 debido al manejo diferenciado de estas subpoblaciones (Gutiérrez *et al.*, 2005a). Este contraste entre ambas poblaciones también se reflejó a nivel molecular (Ferrando *et al.*, 2008).

El objetivo de este estudio, que se enmarca en el Programa de Conservación de la raza, es analizar los valores de coascendencia dentro y entre subpoblaciones, tanto a nivel genealógico como molecular, y estudiar la evolución reciente del coeficiente de consanguinidad (F) de los animales.

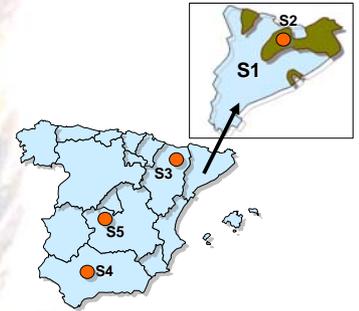


Figura 1. localización geográfica de las cinco principales poblaciones de asno Catalán

MATERIAL Y MÉTODOS

Subpoblaciones

- S1: agrupa la mayoría de los rebaños, con frecuentes intercambios de sementales entre ellos.
- S2: concentra el mayor número de animales para un solo rebaño. La mayoría de sementales son propios.
- S3, S4 y S5: subpoblaciones con menor censo.

Análisis genealógico :

- 1001 registros en el Libro Genealógico (622 de la población viva)
- Cálculo de los coeficientes de consanguinidad (F), el coeficiente medio de parentesco (AR) y la matriz de coascendencia entre subpoblaciones: Endog v4.5 (Gutiérrez y Goyache, 2005).

Análisis molecular :

- 243 individuos de la población viva
- 15 marcadores microsatélite (Ferrando *et al.*, 2008)
- Cálculo de la coascendencia molecular entre subpoblaciones : Molkin v.3.0 (Gutiérrez *et al.*, 2005b).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El Libro Genealógico ofrece información valiosa sobre la relación de parentesco entre individuos y de la evolución del coeficiente de consanguinidad de los animales a lo largo de las generaciones. Pero la precisión de estos datos dependen de la profundidad y calidad de los registros. Los datos moleculares pueden aportar más información sobre la similitud genética de los animales cuando los datos genealógicos son escasos.

Los resultados mostraron que las subpoblaciones S2 y S4 presentaban valores elevados de coascendencia intra-poblacionales tanto a nivel genealógico (Tabla 1) como molecular (Tabla 2). Además, S2 presentó valores de consanguinidad (F) muy elevados (12,8% de media en la población viva), y relativamente estables en el tiempo, con un máximo detectado entre los individuos nacidos en el 2006 (Figura 1B y Tabla 3).

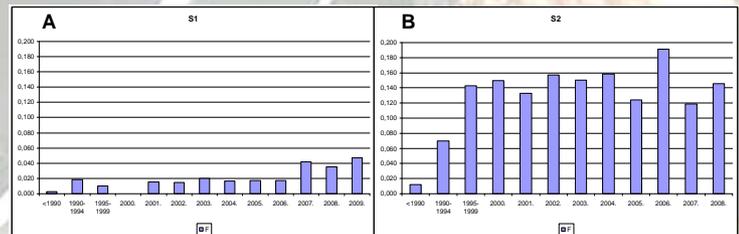


Figura 1. Evolución del coeficiente medio de consanguinidad (F) en las subpoblaciones S1 (A) y S2 (B) según el año de nacimiento de los animales.

Subpobl.	Nº. individuos	S1	S2	S3	S4	S5
S1	546	0,014				
S2	291	0,011	0,083			
S3	91	0,002	0,005	0,044		
S4	51	0,006	0,017	0,010	0,087	
S5	22	0,014	0,003	0,002	0,001	0,077

Tabla 1. Matriz de coascendencia genealógica entre las subpoblaciones de Asno Catalán obtenida sobre la totalidad de los registros del LG.

Subpobl.	Nº. individuos	S1	S2	S3	S4	S5
S1	94	0,404				
S2	105	0,429	0,516			
S3	9	0,379	0,393	0,459		
S4	20	0,431	0,461	0,434	0,539	
S5	15	0,378	0,401	0,335	0,384	0,420

Tabla 2. Matriz de coascendencia molecular entre las subpoblaciones de Asno Catalán obtenida a partir de 243 individuos de la población viva.

Subpobl.	Nº. individuos	AR medio	F medio	GM	GC	Geq.
S1	395	0,025	0,023	5,7	1,2	2,4
S2	114	0,088	0,128	9,2	3,6	5,1
S3	63	0,015	0,004	4,0	1,0	1,7
S4	29	0,035	0,042	6,6	2,0	3,4
S5	21	0,020	0,029	3,5	0,9	1,8
Total	622	0,036	0,041	6,1	1,7	2,8

Tabla 3. Valor medio del coeficiente medio de parentesco (AR), valor medio de consanguinidad (F), generaciones máximas (GM), completas (GC) y equivalentes (Geq) conocidas para los 622 individuos de la población viva según su subpoblación de origen.

Conclusiones

Para las subpoblaciones S4, y sobretudo para S2, la mejor estrategia reproductiva consiste en introducir un mayor número de reproductores procedentes de otras subpoblaciones, y controlar los apareamientos entre individuos de la misma subpoblación dado que la mayoría proceden de las mismas líneas familiares.

En el caso de S1, no se desaconseja realizar apareamientos entre individuos de la misma subpoblación, pero conviene controlar la ascendencia de las parejas candidatas para evitar un aumento del coeficiente de consanguinidad de su descendencia, y favorecer el uso de líneas familiares poco representadas.

REFERENCIAS

- Ferrando A., Marmi J., Casas M., Jordana J. (2008) *X Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos*, Mar de Plata, Argentina, Libro de Memorias, Tomo I: 351-354.
- Gutiérrez, J.P., Goyache, F. (2005) *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122: 172-176.
- Gutiérrez, J.P., Marmi, J., Goyache, F., Jordana J. (2005a) *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122: 378-386.
- Gutiérrez, J.P., Royo, L.J., Álvarez, I., Goyache, F. (2005b) *Journal of Heredity*, 96: 718-721.

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 Departament d'Agricultura, Alimentació i Acció Rural (DAR) de la Generalitat de Catalunya con la Universidad Autònoma de Barcelona y la asociación de la raza (AFRAC).

