

VARIABILIDAD GENÉTICA EN RAZAS ASNALES ESPAÑOLAS (RESULTADOS PRELIMINARES)

J.A. Aranguren-Méndez(1), J. Jordana(1) y M. Gómez(2)

¹Unitat de Genètica i Millora Animal. Departament de Patologia i de Producció Animals. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra (Barcelona).

²Servicio de Ganadería. Diputación Foral de Bizkaia. Avda. Lehendakari Aguirre, 9, 2º, 48014-Bilbao.

La población asnal española ha ido disminuyendo ininterrumpidamente durante las últimas décadas, pudiendo catalogarse a las actuales poblaciones en el estatus de razas críticas en inminente peligro de extinción. El estudio preliminar que aquí se presenta, se enmarca dentro del proyecto CICYT (AGF98-0503) para la caracterización y análisis de las relaciones filogenéticas de las razas autóctonas españolas, con la finalidad última de establecer las bases y pautas más idóneas para la puesta en marcha de sus correspondientes Programas de Conservación. La caracterización genética de las mismas es uno de los puntos de partida para lograr alcanzar uno de los objetivos fundamentales de cualquier programa de conservación, como es, el mantenimiento de la máxima cantidad de diversidad genética posible.

Para ello se ha analizado la variabilidad genética existente en estas poblaciones, a partir del análisis de 10 loci microsátelites (AHT4, AHT5, HMS2, HMS3, HMS6, HMS7, HTG6, HTG7, HTG10 y VHL20), aislados de caballo pero que amplifican de forma satisfactoria para los asnos (*Equus asinus*), en un total de 237 individuos, distribuidos de la siguiente manera: Andaluza (28), Asno de las Encartaciones (24), Catalana (111), Mallorquina (57) y Zamorano-Leonesa (17).

Todos los loci mostraron ser polimórficos, con un número medio de alelos detectados por locus de 9,9 aunque con tan solo 3,7 comunes a las cinco razas. El rango entre razas osciló desde 5,6 para Zamorano-Leonesa hasta 7,7 para Catalana. El promedio de heterocigosidad esperada por locus y población (H_e) osciló, asimismo, entre 0,668 y 0,710 (razas Zamorano-Leonesa y Catalana, respectivamente), mostrando la gran mayoría de loci, para todas las poblaciones, HWE, excepto la raza Catalana, que mostró desequilibrio significativo para 6 de los 10 loci analizados. El análisis de los F-estadísticos nos indica que existe un déficit promedio del 9,8% ($P < 0,001$) de heterocigotos intrapoblación, y que el grado de diferenciación genética entre razas es del 5,2% ($P < 0,01$). Estos valores promedio son atribuibles, mayoritariamente, a la raza asnal Catalana que mostró un déficit, altamente significativo, de heterocigotos del 15,2% ($FIS = 0,152$). Se discuten, asimismo, las relaciones filogenéticas existentes entre las razas, obtenidas a partir de la distancia DA de Nei mediante el método de agrupamiento del algoritmo NJ (neighbour-joining).