



**Simposio Iberoamericano sobre
Conservación y Utilización de
Recursos Zoogenéticos**



Memorias

"Año Internacional de la Biodiversidad"

17, 18 y 19 noviembre/2010

**João Pessoa-Paraíba
Brazil**

COASCENDENCIA MOLECULAR PARA LA PROGRAMACIÓN DE APAREAMIENTOS Y PÉRDIDAS DE DIVERSIDAD EN OVINO XISQUETA

Ferrando A., Avellanet R., Casas M. y Jordana J.

ABSTRACT: The Xisqueta is an autochthonous sheep breed mostly located in the north-western of the Catalan Pyrenees (Spain). In the present study, we analysed the genetic diversity and molecular coancestry coefficients within subpopulations and for the whole breed by means of 13 microsatellite markers. The aim of the study is to determine the optimal strategies of mating to preserve genetic variability of the breed.

INTRODUCCIÓN

La raza ovina Xisqueta deriva, conjuntamente con la Ojalada, la Ojinegra de Teruel y la Montesina, del tronco ancestral de *Ovis aries ibéricus*, conformado todas ellas el llamado Tronco Ibérico. Sus poblaciones se distribuyen mayoritariamente en comarcas noroccidentales de los Pirineos catalanes (noreste de España), concretamente en las comarcas leridanas del Pallars Jussà, Pallars Sobirà y Alta Ribagorça, así como en algunos valles de la Ribagorza de Huesca. Su aptitud productiva está orientada hacia la producción de un cordero de tipo “ternasco”, con un peso vivo aproximado de 22-24 kg. Los 66 ganaderos inscritos en ACOXI (asociación de la raza) gestionan los aproximadamente 16.000 reproductores de su Libro Genealógico.

En este trabajo se muestra el análisis, a partir de 13 marcadores microsatélite, de los valores de coascendencia molecular entre 14 subpoblaciones de la raza distribuidas en cuatro comarcas, con el objetivo de buscar la más óptima programación de apareamientos que permita mantener la máxima variabilidad genética y minimizar los incrementos de consanguinidad por generación. A su vez, se evalúa la pérdida de diversidad global que conllevaría la desaparición de alguna de estas subpoblaciones.

MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se realizó a partir de una base de datos obtenida con anterioridad para 619 individuos distribuidos en cuatro comarcas y 14 subpoblaciones (Tabla 1) con 13 marcadores de ADN de tipo microsatélite: MCM42, INRA49, TGLA53, MCM527, MAF65, HSC, OarCP49, OarAE119, OarFCB11, OarCP34, MCM218, OarCP20 y MAF214 (Avellanet, 2006).

El programa Molkin v3.0 (Gutiérrez *et al.*, 2005) permitió calcular diferentes

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

parámetros de diversidad genética, los coeficientes de coascendencia media de la raza (f), de las comarcas y de las subpoblaciones (f_{ij}), así como estimar la contribución de cada comarca y subpoblación a la diversidad global de la raza mediante los métodos de Caballero y Toro (2002) y Petit *et al.* (1998). El primer método se basa en el mantenimiento de la máxima diversidad génica en las subpoblaciones preservadas, que equivale a minimizar la coascendencia molecular total (Caballero y Toro, 2002). El segundo se basa en la estimación de la contribución de una población a la riqueza alélica total de la metapoblación (Petit *et al.*, 1998).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La coascendencia media para el conjunto de individuos de la raza Xisqueta fue de $f = 0,235$. Es un valor ligeramente inferior a los observados por Álvarez *et al.* (2005) en siete razas ovinas ibéricas analizadas con diferentes marcadores microsatélite. Los coeficientes de coascendencia media intra-comarcal para cada comarca y con el conjunto de la raza fueron muy parejos para todas ellas (Tabla 1), mostrando una distribución homogénea de la variabilidad genética en la raza. El valor intra-comarcal de Ribagorza fue más elevado, pero ello se debe en gran

Tabla 1. Coascendencia media de todos los individuos dentro de subpoblación y comarca (f_{ij}) y con toda la raza (f), heterocigosis esperada (H_E), riqueza alélica (r.a.) y contribución (en porcentaje) a la diversidad total, calculado según la diversidad génica de Nei y la rarefacción de la riqueza alélica

Comarca (<i>cursiva</i>) Subpoblación	N	f_{ij}	f	H_E	r.a. ¹	GD _T	C _T
<i>Alta Ribagorça</i>							
Pont de Suert	43	0,242	0,233	0,76	9,4	-0,05	+0,39
Senet	41	0,245	0,232	0,75	8,9	-0,06	+0,31
Vall de Boí	39	0,261	0,240	0,74	8,4	+0,07	-0,15
<i>Pallars Jussà</i>							
Claret	37	0,265	0,242	0,74	8,1	+0,10	-0,11
Esglésies	55	0,259	0,241	0,74	8,6	+0,14	-0,21
Isona	38	0,248	0,235	0,75	8,6	+0,00	-0,11
Pobla de Segur	55	0,242	0,234	0,76	9,2	-0,05	+0,21
Torre de Tamúrcia	49	0,244	0,231	0,76	8,8	-0,10	+0,47
Vall Fosca	36	0,248	0,234	0,75	8,6	-0,02	+0,18
<i>Pallars Sobirà</i>							
Esterri d'Àneu	38	0,243	0,224	0,76	8,3	-0,21	-0,06
Sort	57	0,246	0,233	0,75	8,6	-0,06	-0,10
Vall d'Àssua	57	0,250	0,236	0,75	8,6	+0,01	-0,18
Vall Ferrera	37	0,276	0,241	0,72	8	+0,09	-0,17
<i>Ribagorza</i>							
Isàbena	37	0,256	0,234	0,74	8,5	-0,03	+0,32
Alta Ribagorça	123	0,239	0,235	0,76	9,3	-0,05	+0,66
Pallars Jussà	270	0,239	0,236	0,76	9,2	+0,10	+0,74
Pallars Sobirà	189	0,236	0,234	0,76	8,9	-0,25	-0,60
Ribagorza	37	0,256	0,234	0,74	8,5	-0,03	+0,32

¹, calculado para un tamaño muestral de 35 individuos.

N, número de muestras por población; GD_T, contribución a la diversidad génica (de Nei) total; C_T, contribución a la riqueza alélica total. Los signos indican, por un lado, una pérdida (-) o ganancia (+) de diversidad génica si desapareciera la subpoblación, y por otro, una contribución positiva (+) o negativa (-) de dicha subpoblación a la riqueza alélica de la raza.

medida a su menor tamaño muestral ($N < 50$). El coeficiente de coascendencia tiende a aumentar cuando el tamaño muestral es pequeño, porque aumenta el peso de la auto-coascendencia (coascendencia de un individuo consigo mismo) de los individuos en la media. El valor medio de coascendencia dentro de subpoblaciones fue de $f_{ii} = 0,251$. Vall Ferrera, que presentó el valor de heterocigosis esperada y de riqueza alélica más bajos ($H_E = 0,72$; r.a. = 8), también mostró el valor más elevado de coascendencia molecular intra-poblacional ($f_{ii} = 0,276$). Esterri d'Àneu fue la que mostró la menor coascendencia molecular con el conjunto de la raza (0,224), mientras que el resto osciló entre 0,231-0,242 (Tabla 1).

Las contribuciones de cada comarca y subpoblación a la diversidad génica y a la riqueza alélica global de la raza fueron muy bajas. La desaparición de cualquiera de ellas, por si sola, no produciría una pérdida de variabilidad genética ni de riqueza alélica superior al 1% (ver Tabla 1). Las comarcas de Alta Ribagorça y Pallars Jussà (sobre todo las subpoblaciones de Torre de Tamúrcia y Pont de Suert) fueron las que más contribuyeron a la riqueza alélica de la raza. En cambio, el Pallars Sobirà fue la que más contribuyó a la diversidad génica, dado que Esterri d'Àneu fue la subpoblación que presentó un menor valor de coascendencia con el resto de la raza. Probablemente sea debido a un mayor aislamiento geográfico. Sin embargo, este aislamiento no ha hecho aumentar la coascendencia de la subpoblación, posiblemente por el intercambio de reproductores entre rebaños.

CONCLUSIONES

La raza ovina Xisqueta presenta una elevada variabilidad genética distribuida de forma homogénea entre las diferentes subpoblaciones. La planificación de los apareamientos debería dirigirse hacia el mantenimiento de esa homogeneidad, evitando el aumento de la coascendencia molecular dentro de las subpoblaciones. Si ello ocurriera, la estrategia sería realizar apareamientos con reproductores de aquellas subpoblaciones con las que mantienen menores valores de coascendencia molecular. De forma general, los reproductores de Esterri d'Àneu (Pallars Sobirà) representarían una buena elección para aumentar la diversidad génica, y los de Torre de Tamúrcia (Pallars Jussà) y Pont de Suert (Alta Ribagorça) para incrementar la riqueza alélica.

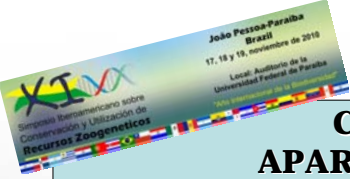
AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el *Departament d'Agricultura, Alimentació i Acció Rural de la Generalitat de Catalunya*. También agradecemos a los ganaderos y a la asociación de la raza ACOXI (*Associació Catalana de Criadors d'Oví de Raça Xisqueta*) su ayuda y colaboración.

BIBLIOGRAFIA

Álvarez I., Gutiérrez J.P., Royo L.J., Fernández I., Gómez E., Arranz J.J., Goyache F. (2005). Testing the usefulness of the molecular coancestry information to assess genetic

- relationships in livestock using a set of Spanish sheep breeds. *J. Anim. Sci.*, 83: 737-744.
- Avellanet R. (2006). *Conservación de recursos genéticos ovinos en la raza Xisqueta: caracterización estructural, racial y gestión de la diversidad en programas "in situ"*. Tesis Doctoral. Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona.
- Gutiérrez J.P., Royo L.J., Álvarez I., Goyache F. (2005). MolKin v2.0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *J. Hered.*, 96: 718-721.
- Caballero A., Toro M.A. (2002). Análisis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conserv. Genet.*, 3: 289-299.
- Petit R.J., El Mousadik A., Pons O. (1998). Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. *Conserv. Biol.*, 12: 844-855.



ÁREA TEMÁTICA: CARACTERIZACIÓN GENÉTICA

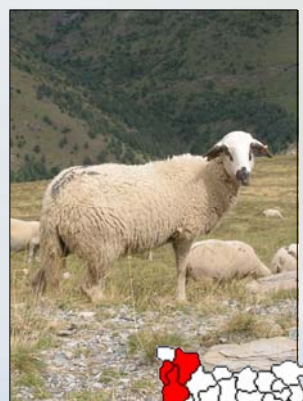
COASCENDENCIA MOLECULAR PARA LA PROGRAMACIÓN DE APAREAMIENTOS Y PÉRDIDAS DE DIVERSIDAD EN OVINO XISQUETA

Ferrando A., Avellanet R., Casas M. y *Jordana J.

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



La raza ovina Xisqueta deriva, conjuntamente con la Ojalada, la Ojinegra de Teruel y la Montesina, del tronco ancestral de *Ovis aries* ibéricus, conformado todas ellas el llamado Tronco Ibérico. Sus poblaciones se distribuyen mayoritariamente en comarcas noroccidentales de los Pirineos catalanes (noreste de España), concretamente en las comarcas leridanas del Pallars Jussà, Pallars Sobirà y Alta Ribagorça, así como en algunos valles de la Ribagorza de Huesca. Su aptitud productiva está orientada hacia la producción de un cordero de tipo “ternasco”, con un peso vivo aproximado de 22-24 kg. Los 66 ganaderos inscritos en ACOXI (asociación de la raza) gestionan los aproximadamente 16.000 reproductores de su Libro Genealógico.



El objetivo del presente trabajo consiste en buscar la más óptima programación de apareamientos, a partir de los valores de coascendencia molecular de las 14 subpoblaciones en que se ha subdividido la raza, que permita mantener la máxima variabilidad genética y minimizar los incrementos de consanguinidad por generación. A su vez, se evalúa la pérdida de diversidad global que conllevaría la desaparición de alguna de estas subpoblaciones.

MATERIALES Y MÉTODOS

- 619 individuos, distribuidos en 4 comarcas y 14 subpoblaciones.
- 13 marcadores de DNA de tipo microsatélite: MCM42, INRA49, TGLA53, MCM527, MAF65, HSC, OarCP49, OarAE119, OarFCB11, OarCP34, MCM218, OarCP20 y MAF214 (Avellanet, 2006).
- Cálculo de coascendencia molecular: Molkin v.3.0 (Gutiérrez *et al.*, 2005). Pérdidas de diversidad: según Diversidad Genética de Nei (Caballero y Toro, 2002), y según riqueza alélica (Petit *et al.*, 1998).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La coascendencia media global de la raza Xisqueta fue de $f = 0,235$. Este valor es ligeramente inferior a los observados por Álvarez *et al.* (2005) en siete razas ovinas ibéricas. Las coascendencias intra-subpoblación fueron muy parejas para todas ellas, indicando una distribución homogénea de la variabilidad genética en la raza (Tabla 1).

Vall Ferrera (Pallars Sobirà) que mostró los valores $H_E = 0,72$; r.a. = 8 más bajos, mostró el valor más elevado de coascendencia molecular intra-poblacional $f_{ii} = 0,276$. Por el contrario, Esterrí d'Àneu (Pallars Sobirà) fue la que mostró la menor coascendencia molecular con el conjunto de la raza ($f = 0,224$).

Debido a la elevada uniformidad genética de la raza, la desaparición o extinción de cualquiera de las subpoblaciones, no provocaría una pérdida significativa de variabilidad (<1%). Sin embargo, y dentro de esa gran uniformidad, podemos apuntar que: las subpoblaciones de la Alta Ribagorça (Pont de Suert) y Pallars Jussà (Torre de Tamúrcia) son las que más contribuyen a la riqueza alélica de la raza. La comarca del Pallars Sobirà (p.e. Esterrí d'Àneu) sería la que más contribuiría a la diversidad genética de la Xisqueta (Tabla 1).

CONCLUSIONES

- 1). La raza ovina Xisqueta presenta una elevada variabilidad y uniformidad genética entre sus subpoblaciones.
- 2). La planificación de los apareamientos debe dirigirse hacia el mantenimiento de esa homogeneidad, evitando los aumentos de coascendencia molecular dentro de subpoblaciones.
- 3). Los reproductores de Esterrí d'Àneu serían una buena elección para aumentar la diversidad genética y los de Torre de Tamúrcia y Pont de Suert para incrementar la riqueza alélica.

Comarca (cursiva) Subpoblación	N	f_{ii}	f	H_E	r.a. ¹	GD _T	C _T
Alta Ribagorça							
Pont de Suert	43	0,242	0,233	0,76	9,4	-0,05	+0,39
Senet	41	0,245	0,232	0,75	8,9	-0,06	+0,31
Vall de Boi	39	0,261	0,240	0,74	8,4	+0,07	-0,15
Pallars Jussà							
Claret	37	0,265	0,242	0,74	8,1	+0,10	-0,11
Esglésies	55	0,259	0,241	0,74	8,6	+0,14	-0,21
Isona	38	0,248	0,235	0,75	8,6	+0,00	-0,11
Pobla de Segur	55	0,242	0,234	0,76	9,2	-0,05	+0,21
Torre de Tamúrcia	49	0,244	0,231	0,76	8,8	-0,10	+0,47
Vall Fosca	36	0,248	0,234	0,75	8,6	-0,02	+0,18
Pallars Sobirà							
Esterrí d'Àneu	38	0,243	0,224	0,76	8,3	-0,21	-0,06
Sort	57	0,246	0,233	0,75	8,6	-0,06	-0,10
Vall d'Assua	57	0,250	0,236	0,75	8,6	+0,01	-0,18
Vall Ferrera	37	0,276	0,241	0,72	8	+0,09	-0,17
Ribagorza							
Isàbena	37	0,256	0,234	0,74	8,5	-0,03	+0,32
TOTAL							
Alta Ribagorça	123	0,239	0,235	0,76	9,3	-0,05	+0,66
Pallars Jussà	270	0,239	0,236	0,76	9,2	+0,10	+0,74
Pallars Sobirà	189	0,236	0,234	0,76	8,9	-0,25	-0,60
Ribagorza	37	0,256	0,234	0,74	8,5	-0,03	+0,32

Figura 1. Dendrograma mostrando las relaciones genéticas entre las diferentes subpoblaciones de Xisqueta. El árbol, no rotado, se construyó a partir de la distancia D_R de Reynolds, utilizando el algoritmo NJ. Los números en las bifurcaciones representan el porcentaje de 1.000 repeticiones bootstrap.

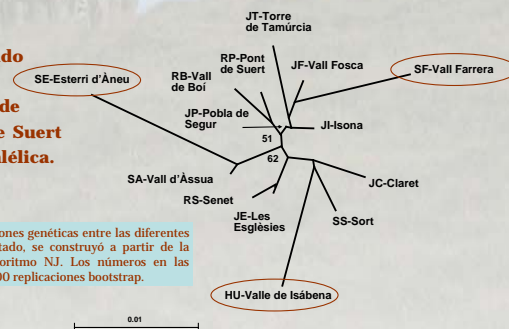


Tabla 1. Coascendencia media de todos los individuos dentro de subpoblación y comarca (f_{ii}) y con toda la raza (f), heterocigosis esperada (H_E), riqueza alélica (r.a.) y contribución (en porcentaje) a la diversidad total, calculado según la diversidad genética de Nei y la rarefacción de la riqueza alélica.

¹, calculado para un tamaño muestral de 35 individuos. N, número de muestras por población; GD_T, contribución a la diversidad genética (de Nei) total; C_T, contribución a la riqueza alélica total. Los signos indican, por un lado, una pérdida (-) o ganancia (+) de diversidad genética si desapareciera la subpoblación, y por otro, una contribución positiva (+) o negativa (-) de dicha subpoblación a la riqueza alélica de la raza.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el Departament d'Agricultura, Alimentació i Acció Rural (DAR) de la Generalitat de Catalunya. También queremos agradecer a todos los ganaderos y a la asociación de la raza ACOXI (Associació Catalana de Criadors d'Ovi de Raza Xisqueta) su ayuda y colaboración.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Álvarez I., Gutiérrez J.P., Royo L.J., Fernández I., Gómez E., Arranz J.J., Goyache F. (2005). J. Anim. Sci., 83: 737-744.
 • Avellanet R. (2006). Tesis Doctoral. Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona.
 • Gutiérrez J.P., Royo L.J., Álvarez L., Goyache F. (2005). J. Hered., 96: 718-721.
 • Caballero A., Toro M.A. (2002). Conserv. Genet., 3: 289-299.
 • Petit R.J., El Mousadik A., Pons O. (1998). Conserv. Biol., 12: 844-855.