

DIVERSIDAD, ESTRUCTURA Y RELACIONES GENÉTICAS DEL GANADO BOVINO ESPAÑOL Y PORTUGUÉS

Pilar Zaragoza¹, Inmaculada Martín-Burriel¹, Clementina Rodellar¹, Javier Cañón², Susana Dunner², Oscar Cortés², Vincenzo Landi³, Amparo Martínez Martínez³, Luis T. Gama⁴, Catarina Ginja^{4,5}, M. Cecilia T. Penedo⁵, Arianne Sanz¹, Juan Vicente Delgado Bermejo³

ABSTRACT: We present here a comprehensive analysis of the genetic diversity and structure of Iberian cattle. Forty breeds (23 from Spain and 17 from Portugal) were genotyped with 19 highly polymorphic microsatellite markers. These data were used to calculate genetic diversity parameters. Mean diversity and heterozygosity values were very similar for the breeds of both countries. Except for 2 populations, significant deviations from Hardy-Weinberg equilibrium were observed at one or more loci in all breeds. The Neighbour-Joining tree based on Reynolds distances was star-shaped with low bootstrap values except for a few pairs of inter-related breeds. The analysis of the genetic structure of Iberian cattle indicated that the most probable number of population clusters (K) included in the study would be 36. The proportion of correctly assigned individuals was very different between breeds. The relative genetic isolation within their geographical origin, genetic drift, and crossbreeding have contributed to the current genetic status of Iberian cattle.

INTRODUCCIÓN

La caracterización molecular de los recursos genéticos animales contribuye a la conservación racional de los mismos. En la actualidad se encuentran reconocidas oficialmente 15 razas bovinas portuguesas y 38 españolas. En los últimos años se han desarrollado estudios parciales de caracterización del bovino ibérico mediante el uso de marcadores microsatélites. Sin embargo, hasta el momento, no se ha desarrollado un trabajo global de la Península.

En 2007 se creó un consorcio de grupos de investigación en el marco de la red CONBIAND para la caracterización del bovino ibérico y sus descendientes criollos en el continente americano. En este trabajo combinamos la información genotípica de 19 microsatélites analizados en 40 razas autóctonas de España y Portugal para investigar la diversidad genética global del bovino de estos países, la estructura de las poblaciones y las relaciones genéticas entre razas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se han analizado un total de 40 poblaciones bovinas: 27 autóctonas españolas y 13 portuguesas: Alistana (ALIS), Asturiana de los Valles (ASTV), Asturiana de las Montañas (ASTM), Avileña (AVIL), Berrenda en Colorado (BCOL), Berrenda

¹Laboratorio de Genética Bioquímica. Facultad de Veterinaria. Universidad de Zaragoza (Spain). pilarzar@unizar.es; ²Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid (Spain); ³Departamento de Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba (Spain); ⁴Instituto Nacional dos Recursos Biológicos. Fonte Boa, Vale de Santarém (Portugal); ⁵Veterinary Genetics Laboratory, University of California, Davis, CA (U.S.A.)

en Negro (BNEG), Betizu (BETI), Bruna dels Pirineus (BRUP), Mallorquina (MALL), Marismeña (MARS), Menorquina (MENO), Monchina (MONC), Morucha (MORU), Mostrenca (MOST), Negra Andaluza (NAND), Pajuna (PAJU), Parda de Montaña (PMON), Pasiega (PASI), Pirenaica (PIRE), Retinta (RETI), Rubia Gallega (RGAL), Sayaguesa (SAYA), Serrana de Teruel (STER), Toro de Lidia (TLID), Tudanca (TUDA), Vaca Canaria (VCAN), Vaca Palmera (PALM), Alentejana (ALEN), Arouquesa (AROU), Barrosã (BARR), Brava de Lide (BRAV), Cachena (CACH), Garvonesa (GARV), Marinhoa (MARI), Maronesa (MARO), Mertolenga (MERT), Minhota (MINH), Mirandesa (MIRA), Preta (PRET) and Ramo Grande-Azores (RAMO). El DNA se extrajo a partir de sangre periférica y de pelo de un total de 1924 animales. Se analizaron 19 microsatélites recomendados por la FAO para su uso en estudios de diversidad genética: *BM1818*, *BM1824*, *BM2113*, *CSRM60*, *CSSM66*, *ETH3*, *ETH10*, *ETH185*, *ETH225*, *HAUT27*, *HEL9*, *ILSTS6*, *INRA32*, *INRA63*, *MM12*, *SPS115*, *TGLA53*, *TGLA122* and *TGLA227*. Se utilizó la metodología descrita previamente (Cañón et al., 2001; Ginja et al., 2010; Martín-Burriel et al., 1999). Se calcularon las frecuencias alélicas y las desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg con el programa GENEPOP, el número medio de alelos por locus y la riqueza alélicas con FSTAT, los valores de Heterocigosidad con MICROSATELLITE y la distancia de Reynolds con PHYLIP. A partir de esta distancia se construyó un árbol filogenético con el programa SPLITSTREE. El programa STRUCTURE se utilizó para investigar la estructura de las poblaciones, analizando desde K=2 a K=40. Los resultados de este análisis se utilizaron para la asignación de individuos a sus poblaciones de origen.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se han observado valores de diversidad altos en las razas analizadas (Tabla 1), en parte podría deberse a la elección de los marcadores más informativos del conjunto recomendado por la FAO. Todas las razas, excepto MINH y PRET mostraron uno o más *loci* en desequilibrio, el mayor número se encontró en BNEG y MERT.

Tabla 1. Diversidad del bovino Ibérico (Valores medios por país)

País	Razas	N	n/raza	At/raza	MNA	R _A	H _E	H _O
España	23	1249	46,26	132,74	7,68	5,56	0,69	0,65
Portugal	17	674	51,92	128,46	7,47	5,29	0,67	0,65

La distancia de Reynolds se utilizó para analizar las relaciones entre razas a través de la construcción de un árbol filogenético. En general las razas se agruparon según su localización geográfica, observándose valores de "bootstrap" muy bajos excepto para razas con un origen reciente común como BRUP/PMON, TLID/BRAV o BARR/CACH (Figura 1).

Finalmente, un análisis de la estructura genética mostró la presencia de 36 poblaciones. Cinco clusters incluían 2 razas diferentes (BETI/PIRE, MORU/AVIL,

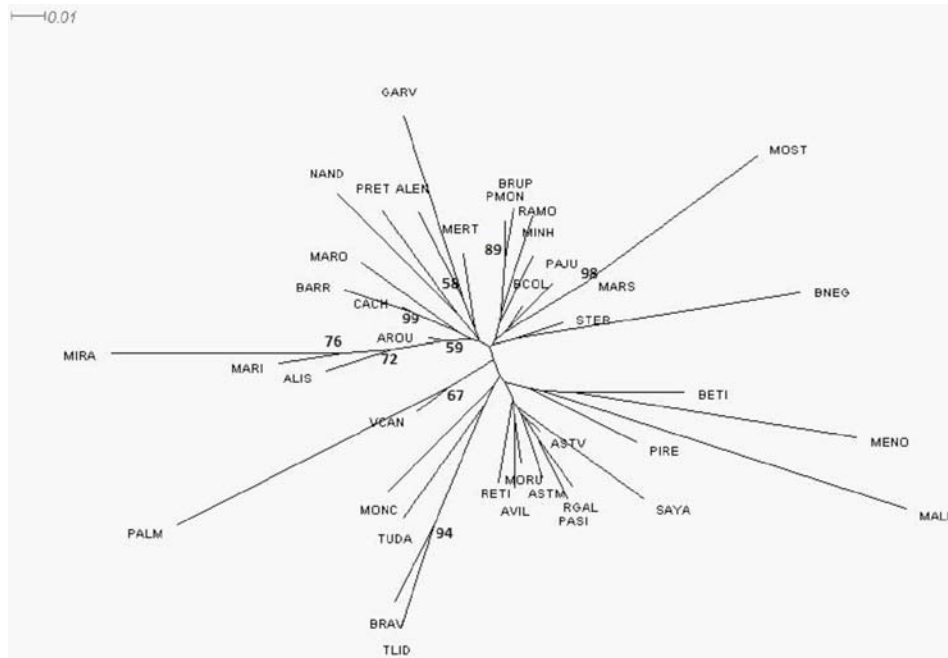


Figura 1. Árbol filogenético obtenido con la distancia de Reynolds

PMON/BRUP, BARR/CACH, TLID/BRAV), 2 razas (BNEG y NAND) se dividieron en dos subpoblaciones cada una y dos razas se consideraron como mezcla de poblaciones (ASTV, BCOL). La proporción de individuos asignados correctamente varió entre 14% y 94% para un $q > 0,8$, siendo las poblaciones más divergentes las que poseían mayores porcentajes de asignación correcta. No se pudieron diferenciar individuos del par BRUP/PMON.

CONCLUSIONES

El aislamiento reproductivo, la consanguinidad y el cruce entre poblaciones han contribuido a la composición genética actual de estas razas. Las relaciones entre ellas reflejan, en general, su distribución geográfica más que su clasificación fenotípica. Los programas de mejora y manejo tienen que intentar minimizar la consanguinidad, mantener la diversidad genética y tener en cuenta la estructura intra-raza.

BIBLIOGRAFIA

- Cañón, J., Alexandrino P., Bessa I. *et al.* 2001. Genetic diversity measures of local european beef cattle breeds for conservation purposes. *Genet Sel Evol* 33: 311-332.
- Ginja, C., Gama L. T. and Penedo M. C. 2010. Analysis of str markers reveals high genetic structure in Portuguese native cattle. *J Hered* 101: 201-210.
- Martín-Burriel, I., Rodellar, C. Lenstra, J. A. *et al.* 2007. Genetic diversity and relationships of endangered Spanish cattle breeds. *J Hered* 98: 687-691.