EVALUACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENETICA EN PEQUEÑAS POBLACIONES. UTILIZACIÓN DE CARACTERES CUANTITATIVOS EN LA OVEJA XALDA DE ASTURIAS

Juan Pablo Gutiérrez[1], Iván Fernández[2], Luis José Royo[2], Isabel Álvarez[2] y Félix Goyache[2*]

[1]Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040-Madrid; [2]SERIDA-CENSYRA-Somió, C/ Camino de los Claveles 604, 33203 Gijón (Asturias); *e-mail: fgoyache@serida.org

INTRODUCCIÓN

Los cambios en la variabilidad genética de las pequeñas poblaciones pueden estimarse mediante análisis de la información de pedigrí, mediante técnicas de biología molecular o mediante la utilización de caracteres cuantitativos (ROCHAMBEAU et al., 2000). Los cambios en las varianzas genéticas pueden caracterizar pérdidas de variabilidad genética (SORENSEN y KENNEDY, 1984). Sin embargo, en situaciones reales, la existencia de solapamiento generacional y la dificultad de decidir qué caracteres cuantitativos (productivos, reproductivos o adaptativos) son los más adecuados para ser utilizados limita la utilización de los caracteres cuantitativos en programas de conservación.

La oveja Xalda es una raza autóctona asturiana en peligro de extinción descrita desde los años 80 (ÁLVAREZ SEVILLA et al., 1982). Su Libro Genealógico se gestiona por la asociación de criadores ACOXA. Una descripción morfológica de la raza puede encontrarse en la página http://www.acoxa.org. ACOXA, junto con el SERIDA, pretende llevar a cabo un programa de conservación de la variabilidad genética de la raza que ha merecido la financiación del INIA mediante el proyecto RZ01-020. Análisis previos de la información contenida en el Libro Genealógico señalan la posibilidad de una selección morfológica de reproductores que puede provocar una pérdida de variabilidad genética (GOYACHE et al., 2003). El objetivo del presente trabajo es estimar la variabilidad genética existente en la raza Xalda mediante técnicas clásicas de información genealógica y mediante el análisis genético de la calificación morfológica como carácter cuantitativo para contribuir a diseñar estrategias de conservación.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha analizado el Libro Genealógico de la Oveja de raza Xalda de Asturias con los datos actualizados hasta el 31 de diciembre de 2001. El Libro Genealógico cuenta con un total de 805 animales inscritos de los que 562 (507 hembras) estaban vivos. Un total de 754 animales (644 hembras) se calificaron morfológicamente de acuerdo con el patrón racial en una escala de 1 (suficiente) a 3 (excelente) por un solo calificador en el otoño de cada año. Los animales con padres desconocidos se calificaron a edad adulta mientras que el resto se calificó entre los 6 y los 12 meses de edad. Siguiendo a GUTIÉRREZ et al. (2003) se han calculado los coeficientes de consanguinidad (F) y tamaño efectivo de la población (N_e) para cada generación conocida, considerando una nueva generación cuando se conoce al menos un padre del individuo. Asimismo para caracterizar la información de pedigrí aportada por

cada individuo calculamos el equivalente a generaciones discretas (T) propuesto por WOOLLIAMS y MÄNTYSAARI (1995) como $\log_2 N$, siendo N el número de ancestros desconocidos en el pedigrí del individuo. La estimación de los componentes de la varianza de la calificación morfológica se realizó mediante un modelo animal utilizando el programa VCE (GROENEVELD y GARCÍA-CORTÉS, 1998). Se ajustó un modelo que incluía como efectos fijos: el rebaño, el año de calificación y la edad a la calificación. Las estimaciones se realizaron primero utilizando todos los registros disponibles de las calificaciones morfológicas de las hembras de la raza y después utilizando exclusivamente las calificaciones de las hembras con $T \geq 1$ (243). Siguiendo a MEYER y HILL (1991), cada grupo de registros se analizó utilizando toda la información de pedigrí disponible hasta la población base

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La consanguinidad media de la población Xalda es del 1,5%. La media de la calificación morfológica de las hembras de la raza es de 1,79 ± 0,65. La Tabla 1 caracteriza la raza Xalda como una pequeña población con escasa información genealógica. Como era de esperar F aumenta rápidamente con el mayor conocimiento de la genealogía. Se superan los valores medios de F en la generación 3. El rápido incremento de la consanguinidad provoca una drástica reducción de los tamaños efectivos. En cualquier caso la escasa profundidad del pedigrí no permite conocer de forma adecuada el ΔF en la población. La consaguinidad de la población viva indicaría un N_e de 28.4 (GOYACHE et al., 2003). La consanguinidad media de la población seleccionada ($T \geq 1$) es del 2,57% con lo que el tamaño efectivo calculado sería considerablemente menor (19,4).

La calificación racial en la raza Xalda presenta una heredabilidad moderada (Tabla 2) comprable con la encontrada para un carácter similar analizado previamente en la raza bovina Asturiana de los Valles (GUTIÉRREZ y GOYACHE, 2002). Los análisis realizados muestran como la varianza genética aditiva se reduce considerablemente en la población seleccionada mientras que la varianza fenotípica se mantiene en prácticamente los mismos valores. La selección morfológica puede haber inducido una pérdida de variabilidad genética en la raza. La estimación de los cambios en la varianza genética aditiva puede ser una interesante fuente de información sobre la variabilidad genética existente en la población antes de iniciarse los procesos selectivos y de la variabilidad genética remanente en la población seleccionada, que puede ser utilizada junto con los parámetros genealógicos clásicos. Esta aproximación es especialmente importante si tenemos en cuenta que la población seleccionada representa a la mayoría de los padres de la siguiente generación.

Los resultados obtenidos confirmarían la hipótesis de la existencia de una selección por tipo en la población Xalda. En la medida en que esta es una decisión consciente de los ganaderos, ACOXA puede promover, dentro de su programa de conservación, la utilización como reproductores de aquellos animales con mayor genético para calificación morfológica y que se encuentren poco representados genéticamente en la población. Visto que los sementales en activo tienen un alto índice de representación media (GOYACHE et al., 2003), este tipo de actuaciones correctoras pueden tener especial interés para la selección de hembras como madres de futuros sementales

Tabla 1: Número de animales y valores genéticos medios de consanguinidad (F), tamaño efectivo (N_e) y equivalente a generaciones discretas (T) por número de generaciones conocidas en la raza Xalda.

Generación	N	F (%)	N_e	T
0 (Población base)	249	0,00		0,00
1 (un padre conocido)	105	0,00		0,00
2 (un abuelo conocido)	188	1,40		0,39
3 (un bisabuelo conocido)	72	2,00	35,5	0,80
4 (un tatarabuelo conocido)	145	3,34	24,7	1,47
5 (un tátara-tatarabuelo conocido)	39	6,62	14,5	1,71
> 5 (Otros)	7	13,04	7,1	1,94

Tabla 2: Varianza genética aditiva ($Var_{(a)}$), varianza fenotípica ($Var_{(p)}$) y heredabilidad estimada para calificación racial en la oveja Xalda para todos los registros calificación de hembras disponibles y para las hembras que se considera han sido objeto de selección ($T \geq 1$)

Generación	$Var_{(a)}$	$Var_{(p)}$	h^2
Población completa	0,075	0,241	0,31
$T \geq 1$	0,049	0,230	0,21

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALVAREZ SEVILLA, J.A., GARCÍA PELÁEZ, A., CORTÉS PÉREZ, J. 1982. Descripción de la oveja de raza Asturiana. Biol Cien Nat I.D.E.A., 30: 147-157.

GOYACHE F., GUTIÉRREZ J.P., FERNÁNDEZ I., GÓMEZ E., ALVAREZ I., DÍEZ J., ROYO L.J. 2003. Monitoring pedigree information to conserve the genetic variability in endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. Journal of Animal breeding and Genetics, 120, en prensa.

GROENEVELD, E., GARCÍA-CORTÉS, A., 1998. VCE4.0, a (co) variance component packages for frequentist and Bayesians. In: 6 th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, Australia 27, 455-458.

GUTIERREZ, J. P., GOYACHE, F., 2002. Estimation of genetic parameters of type traits in beef cattle. Journal of Animal breeding and Genetics, 119, 93-100.

GUTIÉRREZ J.P., ALTARRIBA J., DÍAZ C., QUINTANILLA R., CAÑÓN J. PIEDRAFITA J. 2003. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. Genetics Selection Evolution, 35, en prensa.

MEYER, K., HILL, W.G. Mixed model analysis of a selection experiment for food intake in mice. Genetical Research, 57 (1991) 71-81.

ROCHAMBEAU, H. de, FOURNET-HANOCQ F., VU TIEN KHANG, J. 2001. Measuring and managing genetic variability in small populations. Annales de Zootechnie, 49: 77-93.

SORENSEN D.A., KENNEDY B.W. 1984. Estimation of genetic variance from selected and unselected populations. Journal of Animal Science, 63: 1213-1223.

WOOLLIAMS J.A. MÄNTYSAARI E.A. 1995. Genetic contributions of Finnish Ayrshire bulls over four generations. Animal Science, 61: 177-197.