ITEA (2005), Vol. **Extra N.º 26.** Tomo I, 102-104

ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE LA RAZA ASNAL CATALANA A PARTIR DE SU INFORMACIÓN GENEALÓGICA

J. Marmi[1], F. Goyache[2], J.P. Gutiérrez[3] y J. Jordana[1]

[1]Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària, Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra (Barcelona)
[2]SERIDA-Somió, c/. Camino de los Claveles 604, 33203-Gijón (Asturias)
[3]Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid. Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040-Madrid

INTRODUCCIÓN

El asno catalán es una de las razas asnales que se encuentra en mayor peligro de extinción. Actualmente se distribuye, de forma mayoritaria, en el Pirineo y pre-Pirineo catalán, aunque también existen pequeñas poblaciones en Huesca, Toledo y Sevilla. Esta raza ha pasado por dos cuellos de botella considerables a lo largo de siglo XX. El primero fue durante la Guerra Civil Española (1936-1939), cuando estuvo a punto de desaparecer. Al finalizar la Guerra, y durante las dos décadas siguientes, la población se recuperó considerablemente gracias al creciente uso de esta raza en los sistemas de producción agraria, coincidiendo con el retorno a los sistemas de trabajo tradicionales. Sin embargo, en los años 60 y 70, la crisis que afectó el sector equino junto con la mecanización y el despoblamiento cada vez mayor del medio rural, hicieron que el tamaño de sus poblaciones volviera a disminuir de forma alarmante.

Desde finales de los años 70 se han llevado a cabo todo un conjunto de iniciativas para evitar la desaparición de esta raza. En 1978 se fundó la "Associació del Foment de la Raça Asinina Catalana (AFRAC)" y se reabrió su libro genealógico. En los años posteriores a 1978 otros criadores se asociaron a la AFRAC registrando también sus animales en el libro genealógico. Actualmente AFRAC incluye la mayor parte de localidades catalanas entre las cuales hay un intercambio notable de individuos reproductores. A finales de 1994 empezó el Programa de Conservación del Asno Catalán con dos prioridades: conservar la máxima cantidad de diversidad genética y evitar en lo posible el incremento de consanguinidad por generación (Jordana y Folch, 1998). En este sentido, en el presente trabajo hemos estudiado la variabilidad genética del asno catalán mediante el análisis de su pedigrí desde la reapertura de su libro genealógico hasta el año 2002, con el objetivo de testar la eficacia de las diferentes estrategias de apareamiento en la conservación de la variabilidad genética de esta raza.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha analizado la genealogía de 510 animales pertenecientes a las siguientes subpoblaciones: AFRAC (N=229), Berga (subpoblación catalana formada por un único rebaño en la que la introducción de sementales de otras subpoblaciones ha sido mínima) (N=193), Sevilla (N=46), Huesca (N=26) y Toledo (N=16). Con el programa ENDOG 3.0 (Gutiérrez y Goyache, 2005) se han calculado los siguientes parámetros poblacionales: número efectivo de fundadores (f_e) (James, 1972), número efectivo de ancestros (f_a) (Boichard et al., 1997), el coeficiente de consanguinidad (*F*) (Wright, 1931), el coeficiente de relación media (*AR*) (Goyache et al., 2003) y los estadísticos F (Caballero y Toro, 2002).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Tabla 1 aparecen los valores de los parámetros calculados. El número de animales fundadores (sin los dos padres conocidos) registrados en el libro genealógico del asno catalán fue de 128. Teniendo en cuenta también los animales de los que se conoce

uno de los padres, el número equivalente de fundadores ascendió a 146.5. En cambio, el número efectivo de fundadores fue tan solo de 70.6, lo que indica que por cada fundador que ha contribuido genéticamente a la población, hay otro del cuál se ha perdido el genotipo. Esto, juntamente con la baja representación de los animales nacidos entre los años 60 y 70 (sus genes explicaban el 40% de la variabilidad genética total), nos hace pensar que ha habido una importante pérdida de genotipos ancestrales en esta raza.

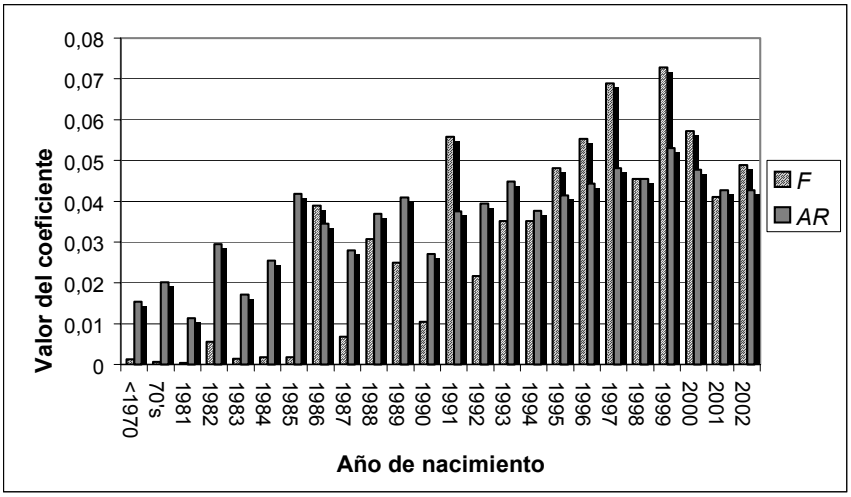
El bajo valor del número efectivo de ancestros (f_a=27), el hecho de que sólo 11 ancestros explicaban el 50% de la variabilidad genética de la raza y los moderadamente elevados coeficientes de consanguinidad obtenidos a partir de todo el pedigrí (*F*=3.36%) y de la población viva (*F*=4.71%), sugieren que algunos individuos están sobre-representados. Esto habría supuesto una importante pérdida de variabilidad genética en el asno catalán. La Figura 1 muestra cómo los valores totales de los coeficientes de consanguinidad y de relación media han ido aumentando año tras año. El coeficiente de relación media es un buen indicador para prevenir futuros aumentos de consanguinidad en una población (Goyache et al., 2003). Aunque los incrementos de relación media han sido más moderados que los de consanguinidad, los elevados valores de *AR* obtenidos desde mediados de los 80 hasta 2002 nos hacen prever que la consanguinidad de la raza irá aumentando en el futuro de no tomarse medidas correctoras. No obstante, el análisis por separado de las dos subpoblaciones mayores (AFRAC y Berga) nos muestra un patrón más complejo. AFRAC es la subpoblación con mayor número de fundadores y es donde éstos están más representados genéticamente; además tiene el valor más bajo de consanguinidad (ver Tabla 1). Estos valores son fruto del intercambio frecuente de animales reproductores entre las diferentes localidades y rebaños que forman parte de la asociación. En cambio los animales de Berga explican la mayor parte de variabilidad genética de la raza, y donde se han obtenido los mayores valores de consanguinidad y de relación media. Esto se explica por la notable contribución que han tenido algunos de los sementales de Berga dentro y fuera de esta subpoblación y por el hecho que aquí se ha evitado, de forma importante, importar animales de otras localidades como reproductores. En AFRAC se ha apostado por el mantenimiento de la variabilidad genética de la raza, lo que puede conducir a la posibilidad de poder realizar programas de selección y mejora, en el futuro, dentro de esta subpoblación. En Berga se ha optado por tener una subpoblación morfológicamente homogénea, priorizando el papel de unos pocos individuos como reproductores a pesar de los problemas (p.e. reproductivos) que pueden derivarse del incremento de consanguinidad. Las poblaciones no catalanas tienen un mínimo efecto en los valores de variabilidad genética totales a causa de su pequeño tamaño poblacional. Esto, conjuntamente con su aislamiento geográfico, hace que sean muy vulnerables a futuros aumentos de consanguinidad si no incorporan individuos reproductores externos. No obstante, por el momento, aún tienen valores de consanguinidad y de relación media notablemente menores que Berga (Tabla 1).

Los valores de F_{IS}=0.0289 y F_{IT}=0.0370 sugieren que la consanguinidad de un individuo es superior a la consanguinidad media de la subpoblación a la que pertenece y a la consanguinidad media de la población total, lo que está de acuerdo con lo comentado anteriormente. No obstante, descartamos que sea una consecuencia del aislamiento poblacional dada la escasa estructuración genética poblacional que presenta el asno catalán, de acuerdo con nuestros análisis (F_{ST}=0.0083). Aranguren-Méndez et al. (2002) encontraron también pocas evidencias de estructuración poblacional utilizando marcadores microsatélites. La escasa diferenciación genética del asno catalán, a pesar del aislamiento geográfico de las subpoblaciones de Sevilla, Huesca y Toledo, puede explicarse por el pequeño tamaño poblacional de éstas y porque la mayor parte de individuos no fundadores poseen un elevado grado de parentesco con individuos de las subpoblaciones catalanas.

Tabla 1. Valores poblacionales y de diversidad genética obtenidos en el asno catalán.

Población	Total	AFRAC	Berga	Sevilla	Huesca	Toledo
Número total de animales	510	229	193	46	26	16
Animales sin padres conocidos	128	75	33	7	8	5
Número equivalente de fundadores	146.5	85.5	39.5	8	8	5.5
Contribución genética de los fundadores (%)	100	53.43	34.45	6.01	4.45	1.66
Número de ancestros	93	48	28	6	7	4
Variabilidad explicada por ancestros (%)	100	36.52	51.44	4.26	6.91	0.87
Coeficiente de consanguinidad	3.36	0.73	7.22	2.17	0.48	2.81
Coeficiente de relación media	3.76	1.98	6.61	2.78	1.39	1.66

Figura 1. Evolución de los coeficientes de consanguinidad (*F*) y de relación media (*AR*) en el asno catalán en los animales nacidos por año.



AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el Departament d'Agricultura, Ramaderia i Pesca de la Generalitat de Catalunya. También agradecemos a l'Associació del Foment de la Raça Asinina Catalana (AFRAC) su ayuda por facilitarnos los datos usados en los análisis.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Aranguren-Méndez, J.A., Gómez, M., Jordana, J. 2002. Heredity 87, 209-211.
Boichard, D., Maignel, L., Verrier, E. 1997. Genet. Sel. Evol. 29, 5-23.
Caballero, A., Toro, M.A. 2002. Conserv. Genet. 3, 289-299.
Goyache, F., Gutiérrez, J.P., Fernández, I., Gómez, E., Álvarez, I., Díez, J., Royo, L.J. 2003. J. Anim. Breed. Genet. 120, 95-103.
Gutiérrez, J.P., Goyache, F. 2005. J. Anim. Breed. Genet. (en prensa).
James, J.W. 1972. Theor. Appl. Genet. 42, 272-273.
Jordana, J., Folch, P. 1998. Arch. Zootec. 47, 403-409.
Wright, S. 1931. Genetics 16, 97-159.