ESTUDIO INICIAL DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DEL CONEJO IBICENCO A PARTIR DE INFORMACIÓN GENEALÓGICA

Martín de la Rosa, A.[1], Cervantes, I.[2], García-García, R.M.[3], Rebollar, P.G.[4], Arias-Álvarez, M.[2], Lorenzo, P.L.[3], Gutiérrez, J.P.[2]

[1]Subdirección General de Medios de Producción Ganaderos. MAGRAMA. 28071 Madrid. [2]Dpto Producción Animal. UCM. Madrid. [3]Dpto. Fisiología (Fisiología Animal). UCM. MADRID. [4]Dpto Producción Animal. UPM. Madrid. gutgar@ ucm.es

INTRODUCCIÓN

La necesidad de impedir la desaparición de las razas locales, minoritarias o en peligro de extinción ha sido un argumento constante de las agencias internacionales de agricultura, científicos individuales y entusiastas de las razas autóctonas (Alderson, 1978). El conejo ibicenco es un animal de origen incierto, descrito desde hace siglos en la isla de Ibiza, con elevada rusticidad que le ha permitido sobrevivir en las granjas pitiusas a la introducción de otras razas comercialmente más interesantes. Su capa presenta la peculiaridad de tener fijado el gen Dutch que se caracteriza por presentar un collar blanco, perfil de la cabeza, hocico y extremos de las patas de color blanco. El resto de la capa puede ser negro, gris o marrón con matices de intensidad. La Asociación de Criadores de conejo ibicenco pretende impulsar la raza comenzando por su caracterización en busca de que sea admitida en el catálogo nacional de razas autóctonas. Como un primer paso, el objetivo de este trabajo fue analizar la estructura genética de esta población a partir de la información de su Libro Genealógico.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha utilizado la información del Libro Genealógico proporcionado por la Asociación de criadores, con todos los individuos registrados hasta noviembre de 2011.

Los valores que se presentan aquí corresponden a 55 animales nacidos entre el 1 de diciembre de 2009 y el 7 de noviembre de 2011. En la base de datos analizada se encontraron 17, 22 y 16 animales de los colores respectivamente gris, marrón y negro, de los cuales 15 eran machos y 40 hembras, figurando 28 vivos.

Se ha analizado la genealogía para establecer parámetros relacionados con la estructura poblacional: intervalo generacional, definido como la edad media de los padres cuando nacen sus descendientes que luego serán reproductores (James, 1977), coeficiente de consanguinidad y tamaños efectivos o N_e (Falconer y Mackay, 1996), mediante los tamaños efectivos realizados obtenidos a partir de incrementos de consanguinidad (Gutiérrez et al., 2009) y de coascendencias (Cervantes et al., 2011), tamaño efectivo de fundadores (Lacy, 1989), de ancestros (Boichard et al., 1997), número efectivo de genomas fundadores (Ballou y Lacy, 1995).

Para todos los cálculos se definió como población de referencia la compuesta por los 28 animales vivos. Se utilizó el programa ENDOG v4.8 (Gutiérrez y Goyache, 2005).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El Intervalo Generacional (Tabla 1) fue de 8 meses, lo que en principio permitiría llevar a cabo 3 generaciones en 2 años. Si se incluye a todos los animales independientemente de que hayan sido padres, la edad media al nacer sus descendientes fue de 9 meses, lo que sugiere que la reposición está realizándose de forma más acelerada al intervalo generacional por azar. La vía progenitor-hembra fue mayor que la vía progenitor-macho, lo que muestra un interés superior en reponer los machos.

El número medio de generaciones equivalentes completas (Maignel et al., 1996) fue de 1,82 para los animales nacidos en la población de referencia, lo que supone aún una elevada laguna en el conocimiento de pedigrí.

Los valores medios de consanguinidad y de relación media para la población de referencia fueron de 8,0% y 18,8%, respectivamente, valores muy elevados para el bajo conocimiento de pedigrí que hay disponible. Bajo apareamiento aleatorio el valor

de consanguinidad debe ser similar a la mitad del coeficiente de relación media, cosa que se cumple en este caso, mostrando que no existe una especial tendencia a cruzar individuos emparentados. Si analizamos el porcentaje de apareamientos altamente consanguíneos a lo largo de la historia de la raza tenemos que el 14,55% de lo apareamientos se ha dado entre medios hermanos y el 7,27% entre padre e hijos.

El tamaño efectivo realizado basado en incrementos de consanguinidad individual, por estar basado en incrementos de consanguinidad individual reales, refleja todos los fenómenos ocurridos en cada individuo de la población, como el solapamiento generacional, la selección y la subdivisión que pueda existir. Muestra por lo tanto las consecuencias de la política de apareamientos llevada a cabo, de los posibles cuellos de botella y del tamaño de la población base, todos ellos, factores que se reflejan en las genealogías (Cervantes et al., 2008; Gutiérrez et al., 2008; Gutiérrez et al., 2009). Este parámetro resultó ser 6,13 ± 2,02 utilizando los incrementos individuales de consanguinidad, valor extremadamente inferior al umbral marcado en la bibliografía para clasificar una raza en peligro (Meuwissen, 2009). El tamaño efectivo basado en incrementos en coascendencias, que informa del tamaño efectivo de la población si hubiera apareamiento aleatorio (Cervantes et al., 2011), resultó ser de magnitud similar (8,45 ± 1,25). El cociente entre ambos presenta un valor de 1,38 lo que indica una cierta tendencia a apareamientos consanguíneos debido al intento de mantener las tres capas de la raza de forma independiente. En cualquier caso partimos de un valor de N_e enormemente reducido para conservar esta población.

Otras aproximaciones llevadas a cabo en la base de datos fueron: en función de la varianza del número de descendientes distinguiendo entre sexos en padres e hijos (Hill, 1979): 3,2 para padres nacidos en 2009 y 5,6 para los nacidos en 2010; en función de la regresión de F sobre generación equivalente (Gutiérrez y Goyache, 2005): 3,9; en función de la regresión de F sobre fecha de nacimiento (Gutiérrez et al., 2003): 7,9; en función de la regresión logarítmica de (1-F) sobre generación (Pérez-Enciso, 1995): 3,6; en función de la regresión logarítmica de (1-F) sobre fecha de nacimiento: 6,8. Reuniendo todos los valores de N_e obtenidos se observa que en todos los casos los valores están entre 3,2 y 8,5. En nuestro conocimiento no existe ninguna población viva con un censo efectivo tan reducido. Dado que la raza aún no está oficialmente reconocida dentro del catálogo nacional de razas autóctonas, urge la inscripción de más animales procedentes de diversos criadores en el Libro Auxiliar.

En cuanto a los parámetros que determinan la probabilidad de origen de los genes, el número total de fundadores y de ancestros que explicarían el 100% de la variabilidad genética existente en la raza fue de 8 en ambos casos, mostrando que en un pedigrí de tan escasa profundidad como el presente, no se han producido cuellos de botella. El estudio de la probabilidad de origen de los genes se resume en 3 parámetros: el número efectivo de fundadores (f_e), número efectivo de ancestros (f_a) y número efectivo de genomas fundadores (f_g). Todos ellos fueron iguales a 6, reflejando que la baja profundidad de pedigrí no permite hacer distinciones entre las pérdidas de variabilidad originadas por el desigual equilibrio en el uso de los fundadores, los cuellos de botella, u otras causas de pérdida de variabilidad genética. Sin embargo, parece haber habido un uso preferente de algunos fundadores ya que el número efectivo fue de 6, inferior al número total de 8, cosa que también se observa en el número de ancestros que determinan el 50% de la variabilidad que se reduce a 2. Al igual que con el tamaño efectivo de reproductores, no conocemos población con un valor tan reducido de estos parámetros, confirmando la conclusión previa sobre la necesidad de incrementar el censo mediante la inscripción de animales en el Libro Auxiliar.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

● Alderson, L., 1978. London, 192 pp. ● Ballou J.D., Lacy, R.C., 1995. New York: Columbia University Press, pp: 76-111. ● Boichard, D., Maignel, L., Verrier, E., 1997.

Genet Sel Evol 29: 5 23. ● Cervantes, I.; Goyache, F.; Molina, A.; Valera, M.; Gutiérrez, J.P., 2008. J. Anim. Breed. Genet., 125: 301-310. ● Cervantes, I., Goyache, F., Molina, A., Valera, M., Gutiérrez, J.P. 2011. J. Anim. Breed. Genet.,128: 56-63 ● Falconer, D.S.; Mackay, F.C. 1996. Longman Group Ltd. England ● Gutiérrez, J.P.; Altarriba, J.; Díaz, C.; Quintanilla, R.; Cañón, J.; Piedrafita, J. 2003. Genet. Sel. Evol., 35, 43-64.● Gutiérrez, J.P.; Goyache, F. 2005. J. Anim. Breed. Genet., 122: 172-176. ● Gutiérrez, J.P.; Cervantes, I.; Molina, A.; Valera, M.; Goyache, F. 2008. Genet. Sel. Evol., 40: 359-378. ● Gutiérrez, J.P.; Cervantes, I.; Goyache, F.; 2009. J Anim. Breed. Genet., 126: 327-332. ● Hill WG, 1979. Genetics, 92: 317-322. ● James, J.W. 1977. Anim. Prod., 24:109-112. ● Lacy, R.C. 1989. Zoo. Biol., 8: 111-123. ● Maignel, L.; Boichard, D.; Verrier, E. 1996. Interbull Bulletin, 14: 49-54. ● Meuwissen, T.H.E., 2009. Acta Agriculturae Scand., Section A., 59 : 71-79. ● Pérez-Enciso M, 1995. Use of the uncertain relationship matrix to compute effective population size, J. Anim. Breed. Genet. 112: 333-340.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por el INIA (MEC-INIA, RZ2010-00012). La información fue cedida por la Asociación de Criadores de Conejo Ibicenco.

Tabla 1. Intervalos generacionales (en años) y edad de los padres a las que nacen sus hijos en las cuatro vías.

TIPO	N	Intervalo ± desv. est.	N	Edad Padres ± desv. est.
Padre-Hijo	4	0.6721 ± 0.1010	6	0.6457 ± 0.0798
Padre-Hija	6	0.7652 ± 0.0958	19	0.8875 ± 0.1305
Madre-Hijo	4	0.4832 ± 0.0761	6	0.5389 ± 0.0844
Madre-Hija	6	0.7000 ± 0.1445	19	0.6922 ± 0.0860
TOTAL	20	0.6706 ± 0.0511	50	0.7425 ± 0.0394

INITIAL STUDY OF GENETIC STRUCTURE OF IBIZA RABBIT FROM GENEALOGICAL INFORMATION

ABSTRACT: We analyzed the studbook of the “ibicenco” rabbit breed to study its genetic structure. The generation length was eight months. The average number of equivalent complete generations was 1.8 with a mean inbreeding coefficient of 8% and a mean average relatedness coefficient of 18.8%, showing shallow pedigree and high level of inbreeding. The effective population size, the effective number of founders and ancestors, and the founder genome equivalent turned out to be 6, a stable number from the foundation that reveals the need to increase the population census.

Keywords: population structure, effective population size, ibicenco rabbit, inbreeding