

CAMBIOS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA NO AUTOSÓMICA EN UNA POBLACIÓN DE CERDOS IBÉRICOS

Miguel Toro, Jaime Rodrigáñez, Carmen Rodríguez y Luis Silió
Departamento de Mejora Genética y Biotecnología, INIA, Madrid

INTRODUCCIÓN

Tanto en los estudios relacionados con las evaluaciones genéticas en programas de mejora como los relacionados con los análisis genealógicos en programas de conservación los cálculos de la consanguinidad y del parentesco se refieren a los genes autosómicos. Sin embargo en los últimos años ha habido un interés en la parte no autosómica de la herencia. Por una parte en los análisis filogenéticos y de estructura poblacional tanto el ADN mitocondrial como los genes del segmento diferencial del cromosoma Y juegan un papel fundamental (Avise, 2000). Por otra parte, algunos estudios parecen haber detectado influencia del citoplasma materno en algunos caracteres como la producción de leche en vacuno (Gibson y Freeman, 1994) y también se ha cuestionado la supuesta inactividad del cromosoma Y que parece influir en caracteres de fertilidad y de propensión a ciertos tipos de cánceres en humanos. Finalmente estudios de detección de QTLs han indicado la sustancial influencia de los genes del cromosoma X en algunos caracteres productivos del porcino (Harlizius et al., 2000).

MATERIAL Y MÉTODOS

Los datos utilizados corresponden a la estirpe Torbiscal, obtenida en 1963 a partir de la fusión de cuatro antiguas estirpes, que se mantenían, desde 1944-45, en la piara experimental El Dehesón del Encinar (Oropesa, Toledo). Dos de estas estirpes eran coloradas y de origen portugués, mientras que las otras dos, negras, procedían de ganaderías extremeñas (Odriozola, 1976). Desde entonces ha permanecido aislada genéticamente con un censo aproximado de 15 machos y 60 hembras, disponiéndose de la genealogía completa (Rodrigáñez et al., 2000).

Cuadro 1. Información genealógica analizada: fundadores, cohortes trianuales y reproductores de la población *Torbiscal*

Número de animales en genealogía (1944-2000)	3584
Número de fundadores de <i>Torbiscal</i>	71
# machos	36
# hembras	35
Número de cohortes (1963-2000)	13
Número de reproductores <i>Torbiscal</i>	1980

Para los análisis genealógicos, un fundador se define como un animal sin relación genética conocida con otro de la genealogía, exceptuados sus descendientes. Sólo 71 de los 116 fundadores contribuyeron realmente a la actual población de Torbiscal. La información genealógica se resume en el Cuadro 1. Los reproductores se agruparon en cohortes trianuales, según fecha de nacimiento.

La diversidad genética no autosómica se calculó como el número de linajes paternos (cromosomas Y) supervivientes en cada cohorte y como el número de linajes maternos (mitocondrias) supervivientes. Para los genes del segmento

$$f_{M,M} = f_{R,M}$$

$$f_{H,H'} = 0.50 (f_{P,H'} + f_{Q,H'})$$

$$f_{M,M} = 1$$

diferencial del cromosoma X ésta se estimó como el coeficiente de parentesco global de las hembras de cada cohorte (incluyendo los autoparentescos). Para ello se modificó el método tabular de la siguiente forma. Si P y Q son el padre y la madre de la hembra H y R es la madre del macho M :

siendo $f_{M,MM'}$, es el parentesco entre los machos M y M' , $f_{H,H'}$ el parentesco entre las hembras H y H' y $f_{M,H'}$ el parentesco entre el macho M y la hembra H' . Los parentescos para los genes autosómicos se calcularon siguiendo las reglas clásicas del método tabular.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Tanto los genes del cromosoma Y como los de la mitocondria evolucionan en linajes sometidos a un fuerte proceso de deriva genética siendo su censo efectivo aproximadamente la cuarta parte del censo efectivo de los genes autosómicos. El número de linajes maternos y paternos participantes en la obtención de Torbiscal fue sólo 13 y 7, que actualmente han quedado reducidos a 7 y 2, respectivamente (Figura 1). Esta información probablemente deba ser considerada en la gestión futura de la diversidad genética de la piara.

El censo efectivo para los genes del cromosoma X puede ser, en principio, tanto mayor como menor que el censo para los genes autosómicos (Caballero, 1995). Así, por ejemplo, en una situación de igual número de machos y de hembras, apareamiento aleatorio y distribución Poisson de los tamaños familiares, dicho censo es un 25% menor. Sin embargo si la varianza de estos tamaños está minimizada el censo sería un 25% mayor (y además sólo dependería del número de machos). En nuestra situación, el censo efectivo ha sido aproximadamente un 12% menor. La evolución del parentesco global de las hembras tanto para el cromosoma X como para los autosomas se representa en la Figura 2. Para la última cohorte, el parentesco global para el cromosoma X fue 0,23 (machos con machos), 0,19 (machos con hembras), 0,21 (hembras con hembras) y la consanguinidad promedio de las hembras 0,17 frente a valores autosómicos de 0,20, 0,17, 0,19 y 0,15. Aunque el mantenimiento de la diversidad genética fue siempre (y especialmente desde 1982) considerada como primordial en la gestión del programa no siempre pudo garantizarse un estricto cumplimiento de las reglas de minimización de los tamaños familiares debido a restricciones tales como la mortalidad o infertilidad de algunos individuos.

Figura 1. Número de mitocondrias y cromosomas Y fundadores supervivientes

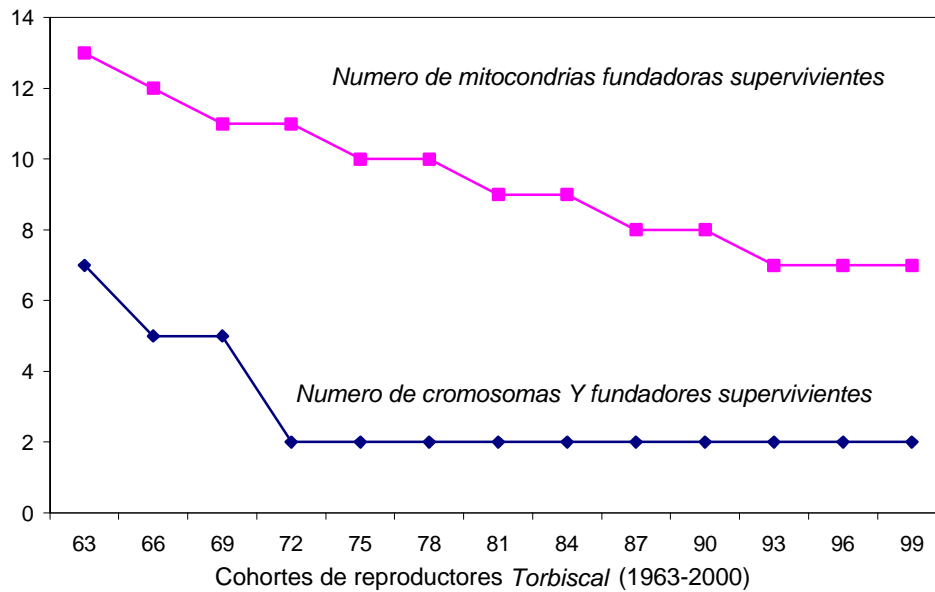
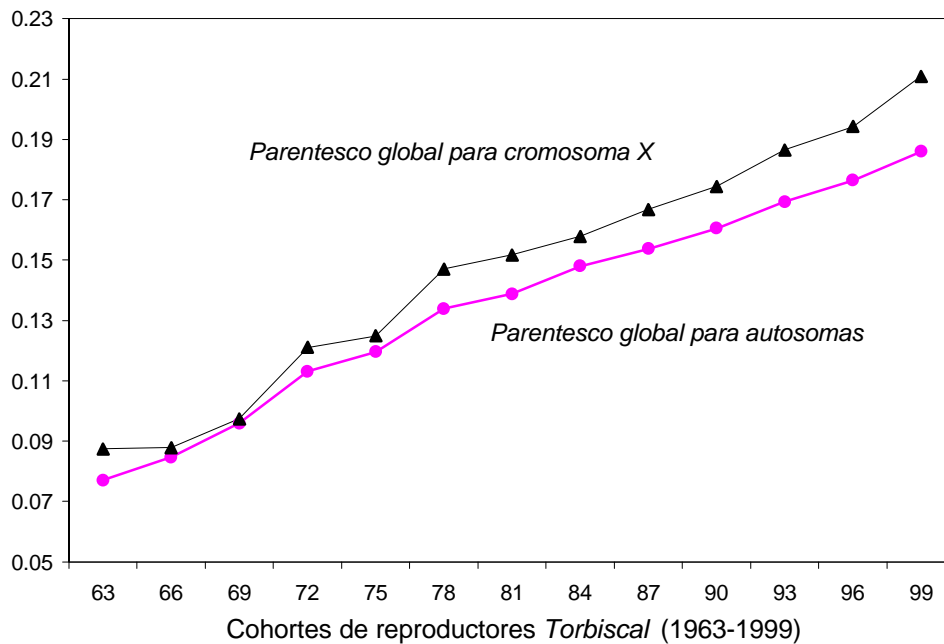


Figura 2. Parentesco global entre hembras para el cromosoma X y autosomas



REFERENCIAS

- Avise, J.C. (2000) *Phylogeography*. Harvad University Press
 Gibson, J.P y Freeman, A.E. (1994) *45th Annual Meeting of EAAP*. Edimburgo
 Caballero, A. (1995) *Genetics* 139: 1007-1011.
 Harlizius et al. (2000) *Mammalian Genome* 11: 800-802.
 Odriozola M. (1976) *Investigación sobre los datos acumulados en dos pjaras experimentales*, IRYDA, Madrid.
 Rodrigáñez et al. (2000) *Cahiers Options Méditerranéennes* 41:57-61.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo se ha realizado en el marco del proyecto SC98-083.