

# ANÁLISIS PRELIMINAR DE DOS POBLACIONES DE PONI CÉLTICO DE ASTURIAS USANDO MARCADORES MICROSATÉLITES.

L.J. Royo<sup>1\*</sup>, I. Álvarez<sup>1</sup>, I. Fernández<sup>1</sup>, J.P. Gutiérrez<sup>2</sup>, J.L. Martínez<sup>3</sup>, E. Gómez<sup>1</sup> y F. Goyache<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>SERIDA-Somió, C/ Camino de los Claveles 604, 33203 Gijón (Asturias);

<sup>2</sup>Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid; <sup>3</sup>Citometría e Inmunotecnología, Universidad de Oviedo, Oviedo (Asturias); \*e-mail: [ljroyo@serida.org](mailto:ljroyo@serida.org)

## INTRODUCCIÓN

La recuperación del Poni de raza Asturcón llevada a cabo por la asociación de criadores ACPRA (<http://www.asturcones.com/>) se ha basado fundamentalmente en individuos de capa negra. Recientemente se ha planteado la necesidad por parte de la Asociación de Criadores "García Dory" de la toma de urgentes medidas de protección sobre la población conocida como "Caballos de Corro" de Asturias, Asturcón Occidental o Asturcón Castaño. Esta población de animales ha sido descrita repetidas veces en tratados etnológicos durante todo el siglo XX (SOTILLO y SERRANO, 1985), existiendo grandes evidencias históricas de que hasta mediados del siglo pasado era la población de poni céltico mayoritaria en Asturias. El proyecto RZ03-011, financiado por el INIA, prevé la caracterización de ambas poblaciones de Poni Asturcón, al objeto de poder recomendar, a las asociaciones de ganaderos y administraciones públicas, estrategias coordinadas de conservación y gestión (GOYACHE et al., 2005). El análisis del ADN mitocondrial (secuenciación de la región de control de la replicación y cit B) no permitió apreciar diferencias significativas entre las dos poblaciones (ROYO et al., 2004). La presente comunicación pretende iniciar la caracterización de las dos poblaciones de ponis de Asturias con marcadores somáticos de tipo microsatélite.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Se han genotipado 51 individuos de la población de Caballo de Corro Asturiano, lo que supone la práctica totalidad de la población viva, con 16 marcadores microsatélites: AHT4, AHT5, ASB17, ASB2, ASB23, CA425, HMS1, HMS2, HMS3, HMS6, HMS7, HYG10, HTG4, HTG6, HTG7 y VHL20. Además se han analizado 23 individuos obtenidos al azar de la población de Poni de raza Asturcón gestionada por ACPRA, por lo que la población total analizada fue de 74 animales. Mediante el programa MolKin (ÁLVAREZ et al., 2005) se han calculado los siguientes parámetros: número de alelos medio por locus ( $k$ ), la heterocigosidad observada ( $H_o$ ), el contenido de información polimórfico (PIC), los estadísticos  $F_{ST}$  y  $F_{IS}$ . Utilizando el mismo programa se ha calculado la distancia de distancia de Reynolds [ $D_R = -\ln(1 - F_{ST})$ ] entre individuos. La matriz de distancias de Reynolds ha sido proyectada en un árbol filogenético mediante el algoritmo UPGMA utilizando el programa MEGA2 (Kumar et al., 2001).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los parámetros descriptivos de la variabilidad genética encontrada en la población analizada se detallan en la Tabla 1. En términos generales, la población de poni castaño presenta mayores valores de heterocigosidad observada, PIC y número medio de alelos que la población de Poni Asturcón. Como el número medio de alelos está muy influido por el tamaño muestral se ajustó para este efecto mediante el método de “rarefaction” (HURLBERT, 1971) con los siguientes valores: 4,8 para el Poni Asturcón y 6,3 para la población de poni Castaño. La diferenciación entre poblaciones evaluada mediante estadístico  $F_{ST}$  fue de 0,026 y los valores  $F_{IS}$  fueron de 0,18 para el Poni Asturcón y de 0,09 para el poni Castaño. Ambas poblaciones presentan un escaso grado de diferenciación y un claro defecto de heterocigotos como consecuencia del reciente cuello de botella genético que han sufrido ambas poblaciones. Esta pérdida de variabilidad es mayor en los animales asturcones analizados como consecuencia de la deriva producida desde la recuperación de la raza que ha provocado la pérdida de una gran cantidad de líneas fundadoras (GOYACHE et al., 2005).

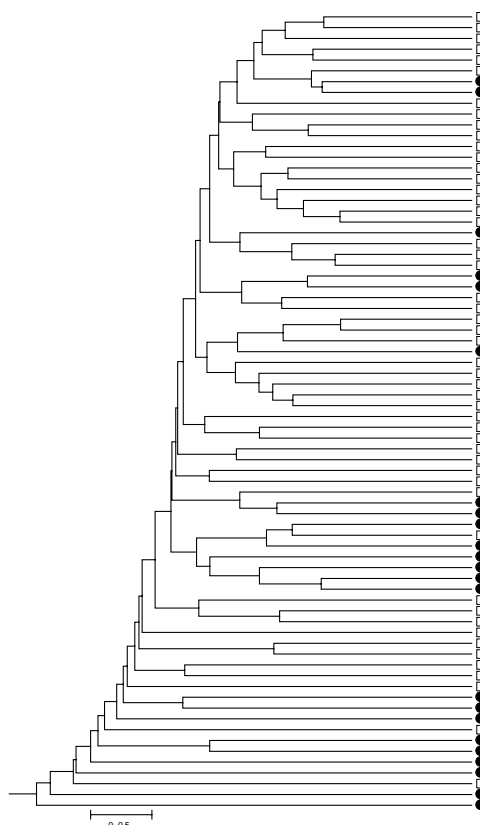
Tabla 1: Número medio de alelos por marcador (k), heterocigosidad observada (Ho), contenido de información polimórfico (PIC) para toda la población analizada y para la población de Poni Asturcón y poni Castaño (número de animales entre paréntesis).

| Marcador | Población             |       |       |               |       |       |              |       |       |
|----------|-----------------------|-------|-------|---------------|-------|-------|--------------|-------|-------|
|          | Muestra completa (74) |       |       | Asturcón (23) |       |       | Castaño (51) |       |       |
|          | k                     | Ho    | PIC   | k             | Ho    | PIC   | k            | Ho    | PIC   |
| AHT4     | 9                     | 0,818 | 0,703 | 7             | 0,730 | 0,606 | 9            | 0,835 | 0,714 |
| AHT5     | 7                     | 0,730 | 0,502 | 5             | 0,597 | 0,310 | 7            | 0,765 | 0,569 |
| ASB17    | 8                     | 0,779 | 0,625 | 5             | 0,771 | 0,604 | 8            | 0,778 | 0,627 |
| ASB2     | 8                     | 0,789 | 0,658 | 5             | 0,758 | 0,609 | 8            | 0,784 | 0,648 |
| ASB23    | 9                     | 0,834 | 0,700 | 5             | 0,691 | 0,507 | 9            | 0,836 | 0,705 |
| CA425    | 8                     | 0,747 | 0,538 | 6             | 0,706 | 0,477 | 8            | 0,750 | 0,548 |
| HMS1     | 7                     | 0,715 | 0,508 | 3             | 0,574 | 0,331 | 7            | 0,767 | 0,582 |
| HMS2     | 9                     | 0,834 | 0,715 | 6             | 0,778 | 0,630 | 9            | 0,815 | 0,678 |
| HMS3     | 8                     | 0,786 | 0,616 | 5             | 0,684 | 0,508 | 8            | 0,803 | 0,647 |
| HMS6     | 6                     | 0,783 | 0,583 | 5             | 0,735 | 0,487 | 6            | 0,788 | 0,604 |
| HMS7     | 10                    | 0,777 | 0,647 | 5             | 0,717 | 0,528 | 10           | 0,760 | 0,628 |
| HTG10    | 14                    | 0,889 | 0,791 | 7             | 0,729 | 0,550 | 14           | 0,890 | 0,790 |
| HTG4     | 6                     | 0,621 | 0,416 | 5             | 0,716 | 0,558 | 6            | 0,526 | 0,327 |
| HTG6     | 12                    | 0,861 | 0,741 | 5             | 0,754 | 0,529 | 11           | 0,856 | 0,760 |
| HTG7     | 5                     | 0,742 | 0,569 | 4             | 0,742 | 0,564 | 5            | 0,734 | 0,562 |
| VHL20    | 8                     | 0,814 | 0,665 | 5             | 0,738 | 0,560 | 8            | 0,812 | 0,666 |
| Medias   | 8,4                   | 0,624 | 0,782 | 5,2           | 0,714 | 0,522 | 8,6          | 0,826 | 0,661 |

El árbol filogenético que se encuentra en la Figura 1 refleja el hecho de la escasa diferenciación existente entre ambas poblaciones. No se encuentran agrupamientos claros entre los animales de ambas poblaciones y los animales

de Poni Asturcón se encuentran distribuidos uniformemente entre los animales de la población Castaña.

Figura 1: Árbol filogenético calculado mediante el algoritmo UPGMA y las distancias de Reynolds entre individuos en la población analizada. Los círculos negros representan animales de raza Asturcón y los cuadrados animales de poni de capa castaña o Caballo de Corro.



El presente análisis es congruente con los realizado previamente sobre ADN mitocondrial. Desde un punto de vista genético la mayor fuente de diferenciación de ambas poblaciones sería que la población de Poni Asturcón tiene prácticamente fijado el carácter de la capa negra mientras que en la población de Caballo de Corro segregan las capas negras y castañas (ROYO et al., 2005). Este trabajo ha sido financiado por el INIA mediante el proyecto RZ03-011. Los autores agradecen a ACPRA (<http://www.asturcones.com/>) y a la Asociación García-Dory el total apoyo prestado para su realización.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ÁLVAREZ et al., 2005. J. Anim. Sci., en prensa.  
GOYACHE et al., 2005. ITEA Vol. Extra, en prensa  
HURLBERT S. H., 1971. Ecology 52: 577-586.  
KUMAR et al., 2001. Bioinformatics, 17:1244-1245.  
ROYO et al., 2004. ITEA, en prensa.  
ROYO et al., 2005. 56th Annual Meeting EAAP. Uppsala (Sweden), en prensa.  
SOTILLO J.L. y SERRANO V. 1985. Ediciones Tebar-Flores, Madrid, Spain.