

CARACTERIZACIÓN PRELIMINAR DE LAS LÍNEAS PATERNAS DE LA RAZA OVINA XALDA DE ASTURIAS MEDIANTE POLIMORFISMOS EN EL CROMOSOMA Y

Lucía Pérez-Pardal¹, Luis José Royo¹, Isabel Álvarez¹, Iván Fernández¹, Juan Pablo Gutiérrez² y Félix Goyache^{1*}

¹SERIDA-Somío, C/ Camino de los Claveles 604, 33203 Gijón (Asturias);
²Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid; *e-mail: fgoyache@serida.org

INTRODUCCIÓN

La oveja Xalda es una raza autóctona asturiana en peligro de extinción descrita desde los años 80 (ÁLVAREZ SEVILLA et al., 2004). Su Libro Genealógico se gestiona por la asociación de criadores ACOXA (www.xalda.com). La raza Xalda ha sido caracterizada desde el punto de vista genético, tanto con marcadores genómicos tipo microsatélite (ÁLVAREZ et al., 2004, 2005) como de secuenciación de ADN mitocondrial (PEDROSA et al., 2007), encuadrándose en el tronco churro. De acuerdo con el origen geográfico de los animales y de su importancia en la conservación de la raza, ACOXA reconoce la existencia de 9 líneas diferenciadas (GOYACHE et al., 2003): *Adrao*, *Antón*, *Arquil.lina*, *Brañaseca*, *Candaneu*, *Eilao*, *Eirrondo*, *Ixuxú* y *Oubal.lu*. La mayoría de los moruecos utilizados y sus madres provienen de esas líneas fundacionales.

Recientemente MEADOWS et al. (2006) han realizado el primer análisis de la diversidad genética existente en el cromosoma Y ovino. En este trabajo se analizaron machos de razas de los 5 continentes, incluyendo las razas españolas Latxa, Manchega y Rasa Aragonesa. En estas razas españolas se han detectado únicamente 2 haplotipos diferentes, aunque todos los animales excepto 1 (de la raza Rasa Aragonesa) eran portadores del mismo haplotipo, que es además el más común entre todas las razas domésticas estudiadas independientemente de su localización.

El objetivo del presente trabajo es estimar la variabilidad genética existente en las líneas paternas de la raza Xalda mediante marcadores específicos del cromosoma Y. Con ello se pretende obtener una nueva información a tener en cuenta a la hora de diseñar estrategias de conservación dentro de la raza.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha obtenido ADN de 105 machos de la razas Xalda (49), Rubia del Molar (10), Manchega (11), Colmenareña (4), Castellana (2), Assaf española (25) y Karakul (4) y dos hembras de la raza Xalda. Los animales analizados de la raza Xalda representan prácticamente todos los machos fundadores de la raza, y la mayoría de machos reproductivos activos actualmente inscritos en el libro genealógico gestionado por ACOXA. Las muestras se genotiparon con el marcador SRYM18 (MEADOWS et al., 2006) en un secuenciador automático ABI310 (Applied Biosystems).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos en el análisis se muestran en la Tabla1. Aunque existe una discrepancia de tamaño entre los alelos descritos por MEADOWS et al. (2006) hemos encontrado, como esos autores un alelo predominante (nuestro alelo 141) en dos tercios de los machos analizados y un alelo propio de la raza Karakul. Destaca el hecho de que el 63% de los animales de raza Xalda genotipados presenten un alelo diferente del mayoritario en las razas ovinas españolas. Estudios posteriores deberán determinar si este alelo equivale a los descritos previamente por MEADOWS et al.

(2006) en razas ovinas británicas o africanas, abriendo nuevas posibilidades de análisis filogenético para la raza.

Tabla 1. Número de machos (N) y resultados obtenidos en el genotipado del marcador SRYM18 en 7 razas ovinas.

Raza	N	Tamaño de los alelos		
		139	141	143
Karakul	4	4		
Assaf Española	25		25	
Colmenareña	4		4	
Manchega	11		11	
Rubia del Molar	10		10	
Castellana	2		2	
Xalda	49		18	31
Total	105	4	70	31

De los 49 machos de raza Xalda genotipados, 14 son machos sin genealogía considerados fundadores. De ellos, 7 animales presentaron el alelo 143 y el resto el alelo 141. Los animales que presentaron el alelo 143 se asignaban a las líneas fundadoras *Antón* (6) e *Ixuxú* (1), mientras que los que presentaron el alelo 141 pertenecían a las líneas *Antón* (1), *Candanéu* (2) o no se asignaron a ninguna línea fundadora. Los rebaños que recuperaron las líneas *Antón* e *Ixuxú* son los que tuvieron la mayor responsabilidad en el inicio de la recuperación de la raza y sus animales presentan una marcada calidad racial por lo que han sido ampliamente utilizados por los ganaderos asociados en ACOXA. La acumulación en la población Xalda del alelo 143 puede deberse a una utilización preferente de los carneros fundadores que portaban este alelo y sus descendientes. El hecho de que los animales que conformaron esos rebaños fueran recuperados en los inicios del programa de conservación de la raza Xalda permite pensar, en principio, que la presencia del alelo 143 en la población no se debe a la introgresión de poblaciones ovinas foráneas.

El análisis de MEADOWS et al. (2006) del marcador SRYM18 incluía la secuenciación del fragmento amplificado para la identificación de un SNP no incluido en la secuencia repetitiva, lo que aumentaba el número de polimorfismos estudiados. Futuros análisis deberán incluir esta fuente de información genética adicional para evaluar la existencia de mayor variabilidad en nuestra muestra de animales.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo se ha financiado mediante los proyectos MEC- CGL2005-03761/ BOS, MEC-INIA RZ2004-00007-C02 y PC-REC04-27 del Gobierno del Principado de Asturias. Los autores agradecen a la asociación de criadores ACOXA (<http://www.xalda.com/>), así como a las asociaciones de criadores de las razas ovinas Rubia del Molar y Colmenareña y la Cooperativa Castellana de Ganaderos su total colaboración.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ÁLVAREZ I., GUTIÉRREZ, J.P., ROYO L.J, FERNÁNDEZ I., GÓMEZ, E., GOYACHE, F. 2004. Genetic relationships and admixture among sheep breeds from Northern Spain assessed using microsatellites. *J. Anim. Sci.*, 82, 2246, 2252.

ÁLVAREZ I., GUTIÉRREZ, J.P., ROYO L.J, FERNÁNDEZ I., GÓMEZ, E., ARRANZ, J.J., GOYACHE, F. 2005. Testing the usefulness of the molecular coancestry information to assess genetic relationships on livestock using a set of Spanish sheep breeds. *J. Anim. Sci.*, 83: 737-744.

ÁLVAREZ SEVILLA, A., GUTIÉRREZ, J.P., FERNÁNDEZ, I., ROYO, L.J., ÁLVAREZ, I., GÓMEZ, E., GOYACHE, F. 2004. Conservación de la oveja Xalda de Asturias. *AGRI*, 34: 41-49.

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. *J. Anim. Breed. Genet.*, 120: 95-103.

MEADOWS J.R.S., HANOTTE O., DRÖGEMÜLLER C., CALVO J., GODFREY R., COLTMAN D., MADDOX JF., MARZANOV N., KANTANEN J., KIJAS J.W. 2006. Globally dispersed Y chromosomal haplotypes in wild and domestic sheep. *Animal Genetics*, 37: 444-453.

PEDROSA S., ARRANZ J.-J., BRITO N., MOLINA A., SAN PRIMITIVO F., BAYÓN Y. 2007. Mitochondrial diversity and the origin of Iberian sheep. *Genetics Selection and Evolution*, 39: 91-103.