

ESTUDIOS GENÉTICOS EN LA GALLINA DEL SOBRARBE MEDIANTE MARCADORES MICROSATÉLITES.

Monteagudo, L.V.², Avellanet, R.¹, Tejedor, M.T.² y Azón, R.¹.

¹ Apabos (Asociación de Criadores de Pavo Oscense)

²Departamento de Anatomía, Embriología y Genética. Facultad de Veterinaria de Zaragoza. Miguel Servet 177. 50013-ZARAGOZA. E-mail: monteagu@unizar.es

INTRODUCCIÓN

En 1995 se iniciaron las tareas de recuperación de una población de gallinas mantenidas mediante sistemas tradicionales en la comarca del Sobrarbe y alrededores, que se ha venido denominando "Gallina del Sobrarbe" (Azón y Francesch, 1998). Se trata de animales adaptados al clima de montaña, cuyos principales índices productivos han sido ya evaluados por Cajal (2009). Desde el año 2002, la asociación de criadores de la raza (AGASOB) se encarga de la aprobación del estándar de la misma y de su difusión entre criadores. En el presente trabajo se abordan las tareas imprescindibles de identificación individual, valoración de los niveles de consanguinidad y, en general, de análisis de la estructura genética de la población, de acuerdo con lo previsto en el Real Decreto 2129/2008, de 26 de diciembre, (BOE del 27 de enero de 2009), por el que se establece el Programa nacional de conservación, mejora y fomento de las razas ganaderas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 96 animales (48 de la variedad negra, procedentes de 9 explotaciones, y 48 de la variedad trigueña, pertenecientes 7 granjas diferentes). Para ello se partió de muestras de sangre obtenidas por punción en vena axilar y conservadas en tarjetas Guthrie extemporáneamente. De entre el juego de marcadores microsatélites denominado set MoDAD y propuesto por el comité conjunto FAO/ISAG (Hoffmann, 2004), se eligieron 16: MCW0069, LEI0094, MCW0295, MCW0216, MCW0034, MCW0111, MCW0016, MCW0330, MCW0037, MCW0078, MCW0067, MCW0098, MCW0123, MCW0183, MCW0165 y ADL0112. Los marcadores se amplificaron por PCR de acuerdo a las instrucciones emanadas de la FAO (2004). El análisis mediante electroforesis capilar para identificar el tamaño de los alelos se ejecutó utilizando un equipo MEGABACE 500 en el Servicio de Secuenciación de ADN de la Universidad de Zaragoza. Posteriormente, se aplicaron los software CERVUS (Análisis de variabilidad, contenido informativo de los polimorfismo y capacidad de exclusión de parentesco, Marshall et al., 1998), GENETIX (Análisis de Correspondencias Factoriales, Belkhir et al., 1996) y STRUCTURE (Análisis de estructura de las poblaciones, Pritchard et al., 2000; Evanno et al., 2005).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los principales índices de variabilidad genética obtenidos se resumen en la Tabla 1. Es de destacar que el set de marcadores aplicados permitiría excluir un progenitor erróneo con un margen de seguridad superior al 99%. En este estudio se ha obtenido un valor medio de $F_{IS} = 0,018$ ^{NS} ($p > 0,05$): es decir, no se ha detectado un valor de consanguinidad significativamente distinto de cero. Por otra parte, se ha obtenido un valor medio de $F_{ST} = 0,135$ ^{**} ($p < 0,01$) entre las 16 granjas estudiadas; es decir, existen diferencias genéticas altamente significativas entre granjas, achacables al aislamiento reproductivo entre ellas, incluso si se puede remontar a unas pocas generaciones atrás. En resumen, la población estudiada puede considerarse viable a medio plazo. La Figura 1 ilustra las diferencias entre poblaciones estimadas mediante Análisis de Correspondencias Factoriales. Es de señalar que no se aprecia una clara separación entre las dos variedades estudiadas. El análisis bayesiano de la estructura genética de la población mediante el software STRUCTURE indica que el número de clusters más probable es $k=4$. La Figura 2 muestra la asignación de los diferentes individuos a cada uno de los clusters. Nuevamente, la pertenencia de los individuos a una u otra variedad no se asocia exclusivamente a un determinado cluster. Debe tenerse en cuenta que los dos colores de la capa dependen en este caso exclusivamente del locus extensión: diferencias en los alelos de un solo gen determinan la pertenencia a una u otra variedad, y podrían darse relaciones de parentesco de primer grado entre ejemplares de ambos colores.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Azon, R., & Francesch, A. 1998. Archivos de Zootecnia 47:461-465.
- Belkhir, K.P., Borsa, P., Goudet, P., Chikhi, L. & Bonhomme, F. 1996-1998. Disponible en <http://www.univ-montp2.fr/~genetix/genetix/genetix.htm>.
- Cajal, J.R. 2009. Escuela Politécnica Superior de Huesca. Proyecto Fin de Carrera.
- Evanno, G., Regnaut, S. & Goudet, J. 2005. Mol. Ecol. 14: 2611-2620.
- Food and Agricultural Organization of the United Nations, 2004. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite Markers. Ed. UNEP.
- Hoffmann, I., Marsan, P.A., Barker, J.S.F., Cothran, E.G., Hanotte, O., Lenstra J.A., Milan, D., Weigend, S., & Simianer, H. 2004. 30th ISAG conference. Tokyo. Japón.
- Marshall, T.C., Slate, J., Kruuk, L.E.B. & Pemberton, J.M. 1998. Mol. Ecol. 7:639-655.
- Pritchard, J.K., Stephens, M. & Donnelly, P. 2000. Genetics 155: 945-959.

Agradecimientos: Este trabajo se ha realizado con el apoyo financiero del al Departamento de Agricultura y Alimentación del Gobierno de Aragón. Los autores manifiestan también su agradecimiento a la asociación de criadores AGASOB y en especial a los criadores que han permitido el acceso a la toma de muestras de sus ejemplares.

Tabla 1. Parámetros de variabilidad genética. *K* : Número de alelos observado. *H(Obs)*: heterocigosidad observada. *H(Exp)*: heterocigosidad esperada. *PIC*: contenido informativo del polimorfismo. *Excl(1)*: probabilidad de excluir un progenitor incorrecto desconociendo el otro progenitor. *Excl(2)*: probabilidad de excluir un progenitor incorrecto conociendo el otro progenitor.

Locus	k	H _{Obs}	H _{Exp}	PIC	Excl (1)	Excl (2)
MCW0069	4	0.621	0.667	0.591	0.222	0.371
LEI0094	6	0.484	0.585	0.524	0.179	0.330
MCW295	5	0.568	0.644	0.585	0.224	0.386
MCW216	3	0.305	0.330	0.278	0.054	0.141
MCW0034	8	0.632	0.678	0.630	0.266	0.440
MCW111	4	0.406	0.406	0.350	0.082	0.192
MCW0016	5	0.625	0.636	0.577	0.217	0.378
MCW0330	5	0.531	0.705	0.647	0.278	0.446
MCW0037	6	0.458	0.464	0.425	0.114	0.259
MCW0078	7	0.379	0.522	0.450	0.141	0.267
MCW0067	4	0.642	0.655	0.577	0.214	0.361
MCW0098	4	0.152	0.143	0.135	0.010	0.069
MCW0123	6	0.333	0.327	0.294	0.054	0.162
MCW0183	4	0.200	0.272	0.242	0.037	0.126
MCW0165	3	0.196	0.555	0.462	0.153	0.265
ADL0112	5	0.469	0.574	0.515	0.173	0.325
Media	4.94	0.438	0.510	0.455		
Potencia total de exclusión					0.932	0.996

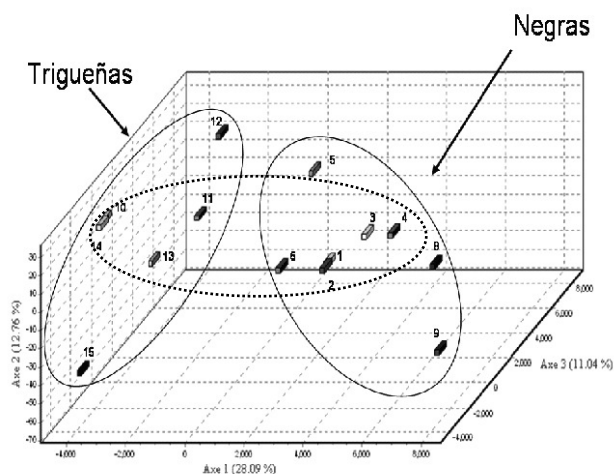


Figura 1. Representación gráfica en 3 dimensiones del análisis factorial de correspondencias. Cada población es representada por un punto. Se aprecia la existencia de diferenciación entre algunas poblaciones. Nótese cómo la distancia entre poblaciones de diferente variedad (óvalo horizontal) es inferior a la existente intra-variedad (óvalos laterales).

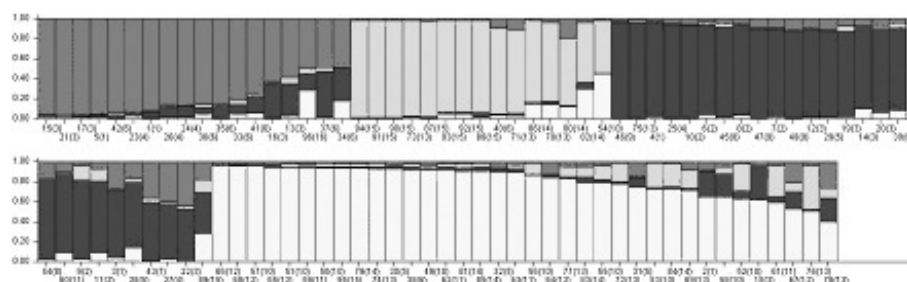


Figura 2. Representación gráfica del análisis de estructura de población mediante el software STRUCTURE. Cada columna corresponde a un individuo, y la escala izquierda indica la probabilidad de cada individuo de pertenecer a cada uno de los cuatro clusters identificados. Sólo los ejemplares que superan el 80% de probabilidad de pertenecer a un cluster se asignan al mismo, mientras que el resto se consideran mezclados.

GENETIC STUDIES IN THE CHICKEN OF SOBRARBE BY MEANS OF MICROSATELLITE MARKERS.

The Sobrarbe Chicken breed has been submitted in the last decades to a recovery plan. In the present work, we analyzed DNA from 98 individuals belonging to the two most important varieties of this population. For this purpose, we applied 16 microsatellite markers chosen from the FAO/MoDAD markers set. These markers panel could detect erroneous parentage in more than 99% of the cases. The results allow us to disregard significant inbreeding ($F_{IS} = 0,018^{NS}$, $p > 0,05$). On the other hand, significant genetic differences exist among the farms ($F_{ST} = 0,135^{**}$; $p < 0,01$), probably due to reproductive isolation. The STRUCTURE analysis indicates $K=2$ as the most probable number of clusters. The two clusters are not directly related to the two varieties. In summary, the viability of the population in the mid term does not seem to be seriously menaced.

Keywords: Sobrarbe chicken, Microsatellites, Population Genetics