

Diferenciación genética entre dos subpoblaciones de cabra de raza Bermeya de Asturias

I. Álvarez*, L.J. Royo*, I. Fernández*, J.P. Gutiérrez**, L. Pérez-Pardal*, V. Guerra***, C. Rincón*, A. Traoré****, F. Goyache*

* Área de Genética y reproducción Animal. SERIDA-Somió, C/ Camino de los Claveles 604, 33203 Gijón (Asturias)

** Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040 Madrid, Spain

*** ACRIBER (<http://www.cabrabermeya.com/>), 3355-Poo de Cabrales s/n (Asturias)

**** INERA, 04 BP 8645 Ouagadougou 04, Burkina Faso.

E-mail: fgoyache@serida.org

Resumen

Este trabajo es un análisis preliminar de la diversidad y grado de diferenciación genética entre las subpoblaciones Oriental y Occidental de la cabra de raza Bermeya de Asturias. Se han genotipado 27 microsatélites en 122 individuos pertenecientes a las poblaciones de cabra Bermeya Oriental, Bermeya Occidental, del Guadarrama, Alpine y Saanen. Las poblaciones de raza Bermeya presentaron heterocigosidad esperadas menores de 0,6 y coascendencias moleculares dentro de población de 0,419, reflejando una alta identidad genética entre individuos. Asimismo, el número medio de alelos por locus, ajustado por el tamaño muestral, de las poblaciones Bermeya Oriental y Occidental fueron los menores encontrados (3,8 y 3,9, respectivamente). La mayor coascendencia molecular se encontró entre las poblaciones Bermeya Oriental-Guadarrama ($0,388 \pm 0,006$), como consecuencia de la introgresión, en el Oriente asturiano de individuos de tipo Pirenaico. Este parámetro entre las poblaciones de Bermeya Oriental y Occidental fue de $0,371 \pm 0,007$. Puede ser necesario establecer estrategias de conservación diferenciadas para las dos poblaciones geográficas de cabra Bermeya.

Palabras clave: Variabilidad genética, Diferenciación, Microsatélites, Conservación

Summary

Genetic differentiation between two geographic subpopulations of Bermeya goat

Two geographic subpopulations (Eastern and Western) of the Asturian Bermeya goat were analysed using 27 microsatellites. A total of 122 individuals of Bermeya, Guadarrama, Alpine and Saanen goat breeds were genotyped. The Eastern and Western Bermeya subpopulations had expected heterozygosity values lower than 0.6 and within-subpopulations molecular coancestry values of 0.419, thus illustrating a high between individuals genetic identity. The rarefacted average number of alleles per locus found in both the Eastern and the Western Bermeya subpopulations were the lowest in the dataset (3.8 and 3.9, respectively). The higher between-populations molecular coancestry values was found for the pair Eastern Bermeya-Guadarrama (0.388 ± 0.006), thus reflecting the introgression of the Pyrenean-type goat into Eastern Asturias. This parameter between the two Bermeya subpopulations was of 0.371 ± 0.007 . It could be recommended the implementation of different conservation strategies for each of the geographic subpopulations of Bermeya goat.

Key words: Genetic variability, Differentiation, Microsatellites, Conservation

Introducción

La cabra Bermeya es una población de gran importancia histórica y cultural en el ámbito asturiano que se encuentra en grave recesión debido al despoblamiento rural y a la introducción, en el Oriente de Asturias, de animales de tipo Pirenáico (Figuroa et al., 2003). La cabra Bermeya se explota en dos subpoblaciones geográficas, Oriental y Occidental, que se encuentran en aislamiento reproductivo desde, al menos el último tercio del siglo XX y que presentan notables diferencias productivas y de tipo. La Bermeya Occidental se explota en grandes rebaños y pastoreo extensivo dirigido a la producción de cabritos; son animales de menor tamaño y cuernos de tipo *Prisca*. La variedad oriental se explota en pequeños rebaños, es de buen desarrollo corporal, carácter lechero y cuernos frecuentemente de tipo *Aegagrus*. El objetivo de este trabajo es realizar una evaluación preliminar de la diversidad genética y grado de diferenciación entre las subpoblaciones Oriental y Occidental de cabra Bermeya de Asturias mediante el uso de microsatélites en el marco del proyecto MEC-INIA RZ07-00002.

Material y métodos

Se han obtenido 72 (34 machos y 38 hembras) muestras de sangre de reproductores de raza Bermeya (37 de la variedad Oriental y 35 de la Occidental) junto con muestras de 15 individuos reproductores de cabra del Guadarrama, 18 de raza Alpine y 17 de raza Saanen para su uso como referencia. Se extrajo ADN total mediante métodos estándar, y las muestras se genotiparon con una batería de 27 microsatélites (BM2504, BM6526, BM757, BM8125, BMS2461, BMS2626, BMS2843, BMS356, BMS975, CSR2111, CSSM15, CSSM31, CSSM43, CSSM66, FCB128, ILSTS005, ILSTS11,

INRA23, INRA26, LSCV29, McM527, McM53, McMA26, OarHH64, RBP3, SPS115 y TGLA53) en un secuenciador automático ABI 310.

Los análisis estadísticos se realizaron mediante el programa de uso público MolKin v2.0 (Gutiérrez et al., 2005) tal como se provee en la dirección http://www.ucm.es/info/prodanim/html/JP_Web.htm. Se ha calculado para cada población analizada la heterocigosis esperada (H_e), el estadístico F_{IS} y el número medio de alelos por locus bruto (A) y ajustado por el tamaño muestral. Asimismo se ha calculado la coascendencia molecular dentro y entre poblaciones (f_{ij}), así como la distancia de alelos compartidos (D_{AS}) entre poblaciones e individuos. Para evitar el sesgo producido por los diferentes tamaños muestrales se ha realizado un remuestreo mediante el método recomendado por Simianer, 2002; Baumung et al., 2006, ajustando a 1.000 réplicas y 30 individuos por población. Se han calculado árboles filogenéticos a partir de las matrices de distancias genéticas utilizando el programa MEGA 4.0 (Tamura et al., 2007).

Resultados y discusión

Los parámetros descriptivos de la variabilidad genética de las poblaciones analizadas se muestran en la tabla 1. Las poblaciones de raza Bermeya presentaron valores de H_e menores de 0,6 y las mayores coascendencias moleculares medias (0,419) reflejando la identidad genética de los individuos muestreados en cada una de esas áreas geográficas (Álvarez et al., 2005). Asimismo, el menor número medio de alelos por locus, ajustado por el tamaño muestral, se encontró en la raza Bermeya (3,8 y 3,9 para las poblaciones Oriental y Occidental, respectivamente).

Tabla 1. Número de individuos analizados (N), heterocigosis esperada (H_e), coascendencia molecular (f_{ii}), déficit de heterocigotos (F_{IS}), número medio de alelos por locus (A) y número medio de alelos ajustado a 12 copias ($A_{(12)}$) para cada una de las poblaciones analizadas

Table 1. Number of individuals analysed (N), expected heterozygosity (H_e), within-population molecular coancestry (f_{ii}), heterozygote deficiency within population (F_{IS}), average number of alleles per locus (A) and average number of alleles per locus rarefacted to 12 copies ($A_{(12)}$) per analysed breed and for the whole dataset

Población	N	H_e	f_{ii} ^a	F_{IS} ^b	A	$A_{(12)}$
Alpine	18	0,626	0,384	0,011	3,3	4,1
Bermeya Oriental	37	0,590	0,419	0,026	3,1	3,8
Bermeya Occidental	35	0,588	0,419	0,026	3,3	3,9
Guadarrama	15	0,571	0,434	0,058	3,3	4,0
Saanen	17	0,594	0,406	-0,036	3,1	3,9
Total	122	0,629	0,364	0,017	8,9	4,3

^aLas desviaciones estándar del parámetro f_{ii} variaron entre 0,008 y 0,011.

^bLas desviaciones estándar del parámetro F_{IS} variaron entre 0,021 y 0,029.

Las matrices de coascendencias moleculares y de distancia de alelos compartidos entre poblaciones se muestran en la tabla 2. La mayor coascendencia molecular se encontró entre la población Bermeya Oriental y la del Guadarrama ($0,388 \pm 0,006$) mientras que el valor de este parámetro entre las

dos poblaciones Bermeyas fue de $0,371 \pm 0,007$. La distancia de alelos compartidos sigue el mismo patrón con el menor valor entre la población Bermeya Oriental y la del Guadarrama ($0,117 \pm 0,013$) y un valor de $0,132 \pm 0,014$ entre las dos poblaciones Bermeyas.

Tabla 2. Coascendencia molecular (f_{ij} ; bajo la diagonal) y distancia de alelos compartidos (D_{AS} ; encima de la diagonal) entre las poblaciones caprinas estudiadas. Las desviaciones estándar de los valores obtenidos se muestran entre paréntesis.

Table 2. Between-breeds molecular coancestry (f_{ij} ; below diagonal) and between-breeds shared allele distance (D_{AS} ; above diagonal). The standard deviations of the estimates are in brackets.

Población	1	2	3	4	5
1. Alpine		0,177 (0,014)	0,197 (0,013)	0,197 (0,014)	0,169 (0,015)
2. Bermeya Oriental	0,342 (0,005)		0,132 (0,013)	0,117 (0,013)	0,184 (0,013)
3. Bermeya Occidental	0,337 (0,006)	0,371 (0,007)		0,158 (0,015)	0,209 (0,013)
4. Guadarrama	0,340 (0,006)	0,388 (0,006)	0,369 (0,007)		0,199 (0,015)
5. Saanen	0,336 (0,006)	0,345 (0,006)	0,336 (0,006)	0,349 (0,007)	

La figura 1 muestra un árbol filogenético calculado a partir de la matriz de distancias D_{AS} entre individuos. Pueden identificarse 5 grupos, correspondientes a las poblaciones analizadas, que incluyen 92 de los 122 individuos analizados. En todo caso, los grupos de Bermeya Oriental y Guadarrama incluyen 2 miembros de la otra población y un pequeño cluster formado por 3 individuos de cada una de esas dos poblaciones. Asimismo, 7 individuos de la población Berme-

ya Occidental se agrupan cerca de los individuos de la población Oriental.

La raza de Guadarrama representa el tronco caprino Pirenáico, reflejándose su proximidad genética a la población Oriental de la raza Bermeya. Este estudio pretende aportar información para la toma en consideración de estrategias de conservación diferenciadas para las dos poblaciones geográficas de cabra Bermeya.

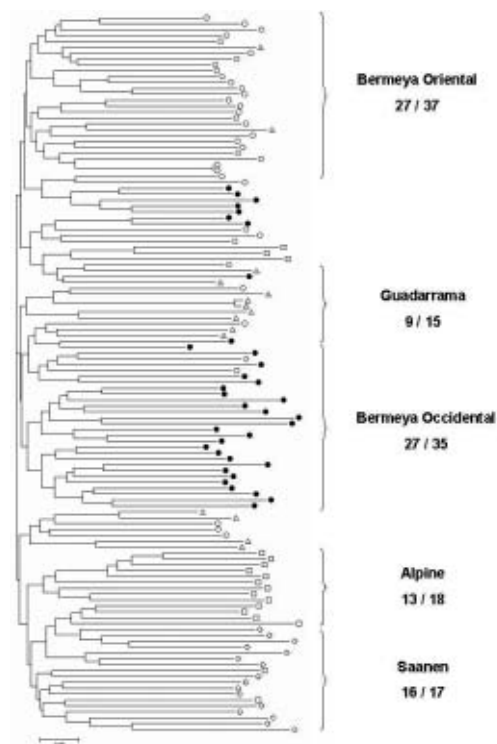


Figura 1. Árbol filogenético calculado mediante el algoritmo del vecino más próximo utilizando la matriz de distancias de alelos compartidos (D_{AS}) entre individuos. Los individuos correspondientes a la población Bermeya Oriental se muestran en círculos blancos, los correspondientes a la población Bermeya Occidental se muestran en círculos negros, los de raza de Guadarrama en triángulos, los de raza Alpine en cuadrados y los de raza Saanen en rombos.

Figure 1. Phylogenetic tree constructed using the neighbour-joining algorithm from the between-individuals shared-allele distance (D_{AS}) matrix. The individuals belonging to the Eastern Bermeya population are in open circles, those belonging to the Western Bermeya populations are in black circles, the Guadarramas are in open triangles, the Alpines in open squares and those belonging to the Saanen breed are in open diamonds.

Bibliografía

- Álvarez I, Gutiérrez JP, Royo LJ, Fernández I, Gómez E, Arranz JJ, Goyache F, 2005. Testing the usefulness of the molecular coancestry information to assess genetic relationships in livestock using a set of Spanish sheep breeds. *J Anim Sci*, 83, 737-744.
- Baumung R, Cubric-Curik V, Schwend K, Achmann R, Sölkner J, 2006. Genetic characterisation and breed assignment in Austrian sheep breeds using microsatellite marker information. *J Anim Breed Genet*, 123, 265-271.
- Figuerola P, Fernández I, Gómez E, Royo LJ, Álvarez I, Goyache F, 2003. Iniciativas de conservación la cabra de raza Bermeya de Asturias. *AGRI*, 33, 57-71.
- Gutiérrez JP, Royo LJ, Álvarez I, Goyache F, 2005. MolKin v2.0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *J Hered*, 96, 718-721.
- Simianer H, 2002. Molekulargenetische Differenzierung verschiedener Rotviehpopulationen. Schriftenreihe des Bundesministeriums für Verbraucherschutz, Ernährung und Landwirtschaft. Heft 493. Landwirtschaftsverlag GmbH. Münster-Hiltrup, Germany.
- Tamura K, Dudley J, Nei M, Kumar S, 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol Biol Evol*, 24, 1596-1599.

(Aceptado para publicación el 28 de abril de 2008)