

Estructura genética del caballo de Pura Raza Menorquina

Pedro J. Azor^{1*}, M^a Dolores Gómez^{1,2}, Marina Solé¹ y Mercedes Valera³

¹Grupo de Investigación MERAGEM. Dpto. de Genética. Universidad de Córdoba. España

²Asociación de Criadores y Propietarios de caballos de Pura Raza Menorquina. Ciutadella de Menorca. España.

³Grupo de Investigación MERAGEM. Dpto. Ciencias Agroforestales. Universidad de Sevilla. España

Resumen. El caballo de Pura Raza Menorquina es una raza autóctona española localizada fundamentalmente en la isla de Menorca. Según los ganaderos los animales que fundaron el Libro Genealógico creado en 1987, procedían principalmente de cuatro sementales emblemáticos Mudaino (M), Olivaret (O), Son Quart (S) y Torretrençada (T). Con el objetivo de contrastar la existencia de influencia de estas cuatro líneas genéticas en la población actual, se ha realizado un análisis genealógico y molecular. En la actual población de caballos de la raza está patente la influencia de los cuatro sementales emblemáticos utilizados. Pero es necesario desarrollar este estudio con otras técnicas estadísticas para conocer si es posible y con qué grado de probabilidad se podría asignar un ejemplar de influencia desconocida a alguna de las cuatro líneas establecidas.

Palabras clave: Pura Raza Menorquina, caballo, microsatélites, diferenciación genética

1 Introduction

El caballo de Pura Raza Menorquina (PRMe) es una raza autóctona española catalogada en peligro de extinción (RD/2128/2008). Se encuentra localizada fundamentalmente en la isla de Menorca que destaca por la gran densidad de equinos localizados en sus 700 km² (Marqués Coll, 2007). Todos los autores coinciden en que el PRMe pertenece al grupo de equinos de la zona levantina de la Península, con animales muy antiguos que se han mantenido bien diferenciados y fuertemente enraizados a las tradiciones culturales de la Isla a través de los siglos (Anguera Sansó, 2005).

El caballo PRMe fue reconocido oficialmente por la Comisión Nacional del Registro de Matrícula de Cría Caballar en diciembre de 1988, tras la creación del Registro Fundacional en diciembre de 1987 y la constitución de la Asociación de Criadores y Propietarios de Caballos de Raza Menorquina en agosto de 1988

* Corresponding author: ge2azorp@uco.es

(Marqués Coll, 2001). Según los ganaderos más ancianos, los animales que fundaron el Libro Genealógico, proceden principalmente de cuatro sementales emblemáticos: Mudaino (M), Olivaret (O), Son Quart (S) y Torretreçada (T).

Con el objetivo de contrastar la existencia de la influencia de estas cuatro líneas genéticas en la población actual, se ha realizado un análisis utilizando 16 marcadores microsatélites de ADN sobre una muestra de caballos PRMe inscritos en el Libro Genealógico que fueron asignados a cada una de las cuatro líneas descritas, según la información suministrada por la Comisión de la Raza, tanto por vía paterna como materna. Parte de los genotipos fueron obtenidos por el Laboratorio Central de Veterinaria de Algete, dependiente del Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino (MARM).

2 Material y métodos

Inicialmente se han analizado las relaciones genéticas utilizando los genotipos de 16 marcadores microsatélites entre los ejemplares cuyos dos progenitores provenían de la misma línea genética, trabajando con una muestra de 75 ejemplares descendientes de la línea M, 29 de la línea S y 3 de la línea T. No se contaba con información pura de la línea O.

En segundo lugar, se incluyeron en el análisis las tres poblaciones “híbridas” de las tres anteriores, es decir, aquellas que por vía paterna o materna descienden de alguna de las tres líneas iniciales (M, T o S), con una muestra de 348 animales (tabla 1).

| POBLACIÓN | DESCRIPCIÓN | ANIMALES |
|-----------|--|----------|
| M | Animales cuyos progenitores descienden de la línea M | 65 |
| S | Animales cuyos progenitores descienden de la línea S | 29 |
| T | Animales cuyos progenitores descienden de la línea T | 3 |
| ST-TS | Animales cuyos progenitores descienden de la línea S o T | 28 |
| MS-SM | Animales cuyos progenitores descienden de la línea S o M | 118 |
| MT-TM | Animales cuyos progenitores descienden de la línea T o M | 75 |

Tabla 1. Nº de animales utilizados en función de la línea a la que pertenecen sus antecesores.

En tercer lugar se estudiaron las relaciones genéticas entre los ejemplares descendientes por vía paterna de una misma línea. Para ello se agruparon en una misma población los ejemplares que procedían de la línea M por vía paterna independientemente de la línea materna de la que procedieran (319 ejemplares), y así sucesivamente con la línea S, T y O (125, 91 y 25 animales, respectivamente), con una muestra total de 560 ejemplares.

Por último, para determinar las relaciones genéticas existentes entre las poblaciones descendientes por vía materna de una misma línea, se agruparon en una población los ejemplares que procedían de la línea M por vía materna independientemente de la línea que procediera el padre (221 animales), y así sucesivamente con la línea S, T y O (141, 75 y 26, respectivamente), con un total de 463 ejemplares.

Las relaciones genéticas han sido analizadas mediante análisis factoriales de correspondencias (Benzécri, 1973; Lebart et al., 1977; Greenacre, 1984; Escofier y Pagès, 1990) que puede detectar si existe alguna relación significativa entre dos o más variables cualitativas. Igualmente se han calculado los valores de inercia atribuibles a los cuatro primeros factores. La representación gráfica se ha llevado a cabo utilizando el programa informático Genetix 4.05 (Belkhir et al., 2001).

3 Resultados

El valor de heterocigosidad esperada mostrado en la población de caballos de Pura Raza Menorquina ha sido 0,709 y el valor del número medio de alelos por locus ha sido 7,687. Estos valores muestran unos elevados niveles de variabilidad genética a pesar de ser una raza que se encuentra en peligro de extinción.

Como se observa en la figura 1, los descendientes de las líneas analizadas se diferencian claramente. Las distancias genéticas de Reynolds (Reynolds et al., 1983) indican que la población descendiente de la línea T está más cercana genéticamente a la población descendiente de M (0,03). Las poblaciones más alejadas genéticamente son las descendientes de las líneas M y S (0,06). Estas distancias genéticas son similares a las encontradas en otras poblaciones equinas (Azor, 2008). Así mismo, el coeficiente de diferenciación genética F_{ST} (Wright, 1965) entre las tres poblaciones es de 6,5 %, inferior al presentado en estudios entre varias razas equinas (Azor et al., 2007b) y similar al encontrado entre las poblaciones de la raza Losina (Azor, 2008).

Según estos datos, las tres líneas genéticas provienen de animales que, aunque pertenecientes a la PRMe, no guardaban entre ellos una relación de parentesco, lo cual favorece la actual variabilidad genética encontrada en el PRMe.

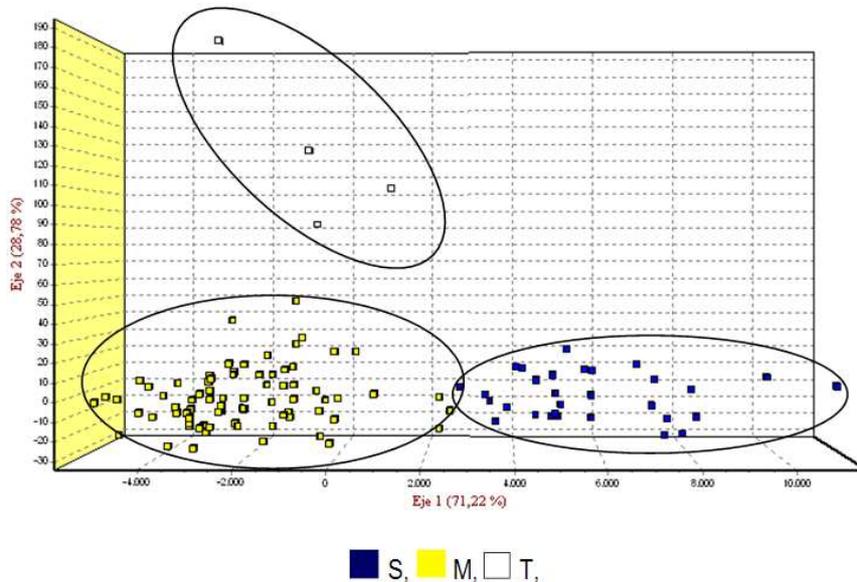


Figura 1. Representación espacial en el análisis factorial de correspondencias en tres dimensiones de los ejemplares descendientes por vía paterna y materna de la misma línea genética (M, S y T).

El mayor nivel de diferenciación genética (F_{ST}) ha sido el estimado entre la población SS y TT (0,302) seguido del existente entre las poblaciones MM y TT (0,252). El menor nivel de diferenciación genética ha sido el encontrado entre las poblaciones SS y MM (0,190).

En la figura 2 se ha señalado cada población parental con un círculo grueso del mismo color que la representa y cada población “híbrida” con un círculo fino. Se observa que las poblaciones “híbridas” se ubican entre las dos poblaciones parentales de las que proceden. Esto evidencia la correcta asignación de los ejemplares a una determinada línea genética según el conocimiento histórico de los ganaderos.

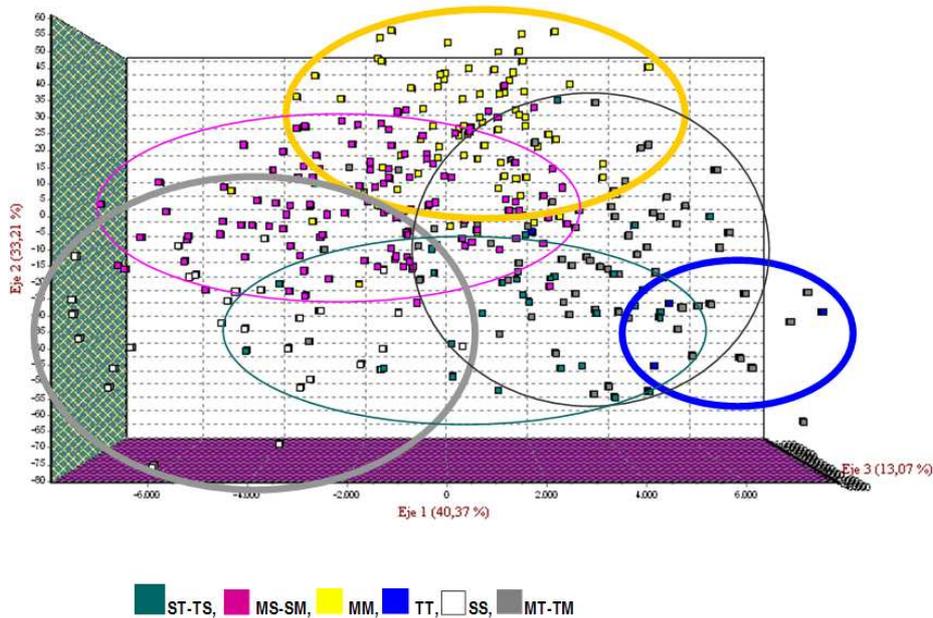


Figura 2. Representación espacial en el análisis factorial de correspondencias en tres dimensiones de los ejemplares descendientes por vía paterna y materna de la misma línea genética (M, S y T) y los descendientes, por alguna de las vías, de alguna de estas tres líneas.

En la figura 3 se aprecia que todas las poblaciones representadas están diferenciadas, aunque existen algunos ejemplares que se entremezclan entre sí. El eje 2 diferencia las poblaciones descendientes de las líneas T, M y S, y el eje 3 diferencia la línea O de las anteriores. Los ejemplares descendientes por vía paterna de la línea O se distribuyen delante de las otras tres poblaciones aunque se ven superpuestos (representados en un círculo discontinuo).

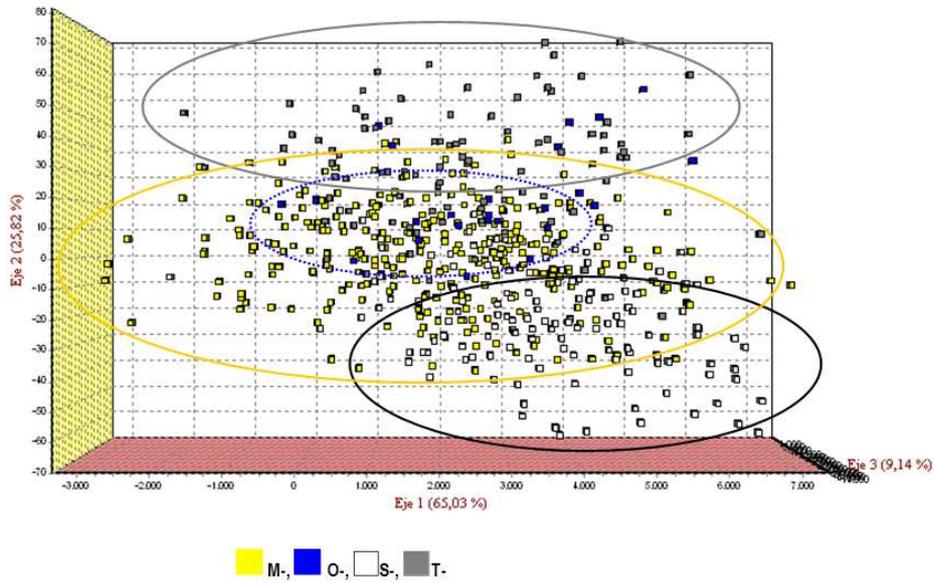


Figura 3. Representación espacial en el análisis factorial de correspondencias en tres dimensiones de los ejemplares descendientes por vía paterna de las líneas M, S, T y O.

Estas poblaciones están diferenciadas (figura 4). El eje 1 diferencia las poblaciones descendientes de las líneas S y T de la M, el eje 2 diferencia las poblaciones S y T y el eje 3 diferencia la línea O de las anteriores que se encuentra detrás.

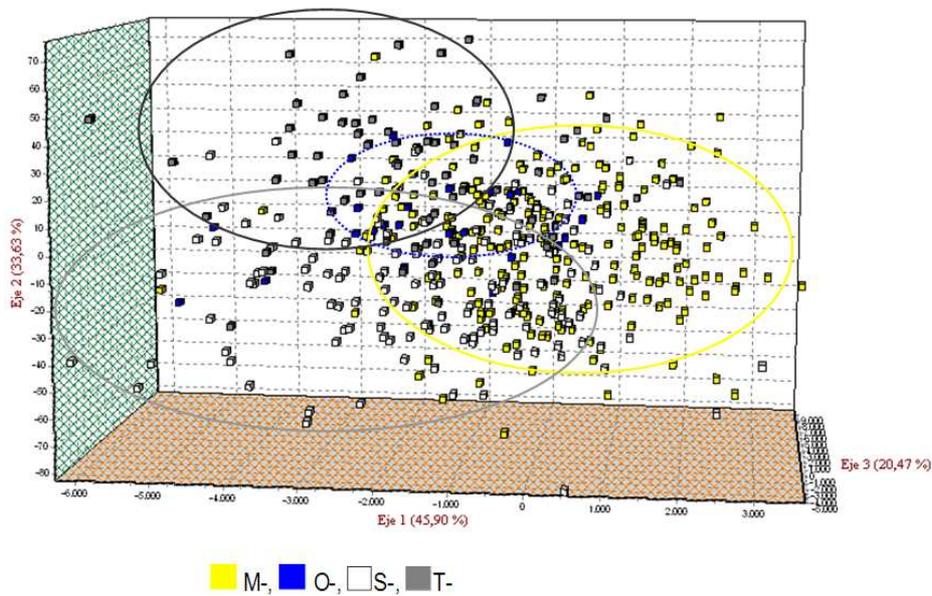


Figura 4. Representación espacial en el análisis factorial de correspondencias en tres dimensiones de los ejemplares descendientes por vía materna de las líneas M, S, T y O.

Tras los estudios realizados podemos concluir en que en la actual población de PRMe está patente la influencia de los cuatro sementales emblemáticos utilizados. Pero es necesario desarrollar este estudio con otras técnicas estadísticas para conocer si es posible y con qué grado de probabilidad se podría asignar un ejemplar de influencia desconocida a alguna de las cuatro líneas establecidas.

Referencias

1. Anguera Sansó, B. (2005). Razas autóctonas de las Islas Baleares. Ed. Conselleria d'Agricultura i Pesca. Govern de les Illes Balears.
2. Azor, P.J. 2008. Gestión genética del programa de conservación de la raza equina Losina mediante técnicas de genética molecular. Tesis Doctoral. Universidad de Sevilla.
3. Azor, P.J.; Gómez, M.D.; Alonso, M.E.; Jordana, J.; Pérez De Muniaín, A.; Valera, M. 2007a. Genetic characterization of endangered Spanish horse breeds for meat production. 58th Annual Meeting of the European Association for Animal Production. Dublín. Ireland.
4. Azor, P.J.; Royo, L.J.; Álvarez, I.; Valera, M.; Fernández, I.; Gómez, J.; Gutiérrez, J.P.; Molina, A.; Goyache F. 2006. Preliminary assessment of the genetic relationships among Spanish horse breeds via molecular Coancestry information. Proceedings of 9th congress of the World Veterinary Equine Association. Marrakech, Morocco. Ed. Bakkoury M. and Dakkak A. Pp. 425-426.
5. Azor, P.J.; Valera, M.; Gómez, M.D.; Goyache, F.; Molina, A. 2007b. Genetic characterization of the Spanish Trotter horse breed using microsatellite markers. *Genet Mol Biol.* 30, 1, 37-42.
6. Benzecri, J.P. 1973. L'analyse des donnees. II: L'analyse des correspondances. . Dunod, Paris, 619 pp.
7. Escofier, B.; Pagès, J. 1990. Analyses factorielles simples et multiples, objectifs méthodes et interprétation, Dunod, 267 p.
8. Greenacre, J.M. 1984. Theory and Application of Correspondence Analysis, Academic Press, New York
9. Lebart, L.; Morineau, A.; Tabard, N. 1977. Techniques de la description statistique: Methodes et Logiciels pour l'Analyse des Grands Tableaux, Paris: Dunod.
10. Marqués Coll, J. , 2001. Capítulo 5. El caballo menorquín. En: Libro de Caballería de las Islas Baleares. Ed. Grupo Fer. Palma de Mallorca. España.
11. Marqués Coll, J. , 2007. El caballo Menorquín, raza surgida de la cultura popular. IV Jornadas Ibéricas de razas autóctonas y sus productos tradicionales: Innovación, seguridad y cultura alimentarias. Ed. Junta de Andalucía. Consejería de Agricultura y Pesca. Pp. 343-346.
12. Reynolds, J.; Weir, B.S.; Cockerham, C.C. 1983. Estimation on the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics* 105: 767-779.
13. Wright, S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 19: 395-420.