

## EVOLUCION DE UNA POBLACION DE MERINO ESPAÑOL CON MARCADORES GENETICOS.

EVOLUTION OF A POPULATION OF SPANISH MERINO WITH GENETIC MARKER.

Rodero, A., M.R. de la Haba, D. Llanes y A. Moreno.

Departamento de Genética. Instituto de Zootecnia. CSIC. 14005 Córdoba. España.

Palabras clave adicionales: Ovejas. Polimorfismos bioquímicos. Distancias genéticas.

Additional Keywords: Sheep. Biochemical polymorphisms. Genetic distances.

### Summary

The genetic evolution of 5 different populations of pure Spanish Merino, were studied using different blood markers: Haemoglobin (Hb), Transferrin (Tf), Prealbumine (Pr), Albumine (Al), Protein X (Pr X), Carbonic Anhidrase (CA), Arylesterase (Es) and Potassium (K).

The differences among the gene frecuencies in these lines were increased since 1976 to 1988. We found a genetic uniformity among lines, while this was non existent in the Merino breed around the world. A increase of inbreeding was found specially in transferrin.

### Resumen

Se ha estudiado la evolución de las frecuencias genéticas de ocho marcadores sanguíneos: Hemoglobina (Hb), Transferrina (Tf), Prealbúmina (Pr), Albúmina (Al), Proteína X (Pr X), Anhidrasa Carbónica (CA) y Potasio (K), entre los años 1976 y 1988, en una población de ganado ovino de raza Merina.

Se ha producido un alejamiento entre las frecuencias génicas de los distintos lotes a través del tiempo, aumentando la uniformidad dentro de

líneas, dando lugar al incremento de la homozigosis para determinados alelos de la transferrina.

### Introducción

Aunque no está totalmente aclarado el origen del Merino español, parece ser que en su formación han intervenido, a partir del *Ovis aries vignei*, ganados de origen fenicio, cartaginés, turdetano, africano, y algunas razas europeas.

A partir del siglo XVIII esta raza española inició su salida a otros países, primero europeos y posteriormente americanos, australianos y africanos (Laguna, 1988). De las cabañas que destacaron por su influencia genética en el extranjero, todavía perduran algunas que se han conservado con alto grado de pureza. Dos de las más interesantes están representadas por las ganaderías de Hidalgo y Granda, ganaderías privadas localizadas en la provincia de Cáceres, cuyo estudio,

realizado en 1988, incluimos en este artículo.

Desde principios de los años sesenta el colectivo de ovejas de pura raza Merino español sufrió una gran reducción, provocada por el cruce con diversas razas extranjeras para mejorar otras producciones, debido al bajo precio de mercado de la lana.

Para prevenir esta situación de pérdida de pureza racial, la Administración concentró en 1971 cinco rebaños puros en el Depósito de Sementales Ovinos de Hinojosa del Duque (Córdoba).

En este artículo pretendemos estimar la evolución genética que esta población ha experimentado entre 1976 y 1988, calculando la variación de frecuencias entre subpoblaciones, distancias genéticas y variabilidad genética, a partir de las frecuencias génicas encontradas para varios polimorfismos en los dos años antes mencionados.

## Material y Métodos

Los animales utilizados son de pura raza Merina y pertenecen a los cinco lotes de Hinojosa y a las ganaderías Hidalgo y Granda.

Los lotes de Hinojosa fueron creados en 1971 con animales de diferentes ganaderías de Merino español puro y se han mantenido aislados reproductivamente. El lote 1 fue creado fundamentalmente con 190 animales de la ganadería Hidalgo, el 2 con 69 ovejas procedentes de un rebaño de Trujillo (Cáceres). El número 3 se formó a partir de 256 animales de la ganadería Granda, el 4 con 124 individuos pro-

cedentes de distintas ganaderías de Cáceres y Ciudad Real y el número 5 se fundó con 272 animales de la ganadería del Conde de Perales. Los rebaños Hidalgo y Granda son considerados por la Asociación de Criadores de Merino como pura raza Merino español.

En el estudio realizado en 1976, se trabajó con 200 animales de cada uno de los lotes de Hinojosa, excepto el lote 2 que solo tenía 60 animales. En el año 1988 se estudiaron 50 individuos por lote, además de 46 animales de la ganadería Hidalgo y 45 de Granda.

Los sistemas polimórficos considerados han sido:

Hemoglobina: Huisman *et al.*, (1958).

Transferrina: Poulik (1957).

Prealbúmina: Efremov *et al.*, (1968).

Albumina: Efremov *et al.*, (1968)

Proteína 'X': Tucher *et al.*, (1967)

Anhidrasa carbónica: Tucher *et al.*, (1967)

Arilesterasa: Tucher *et al.*, (1967)

Polimorfismo de potasio: fotometría de llama.

No todos los polimorfismos se pudieron analizar en todos los lotes.

Los métodos estadísticos usados para el cálculo de variaciones de frecuencias entre subpoblaciones (Nei e Imaizumi, 1966) se especifican con detalle a continuación:

Cualquier frecuencia que se estime a partir de una muestra de tamaño finito está sujeta a variaciones de muestreo. Es por tanto, conveniente desglosar las varianzas de las frecuencias verdaderas de las varianzas medias de muestreo.

Si la varianza de la frecuencia observada entre subpoblaciones es  $\sigma^2 q_0$ , la varianza muestral media  $\sigma^2 \delta q$  y la varianza de las frecuencias verdaderas  $\sigma^2 q$ , entonces  $\sigma^2 q_0 - \sigma^2 \delta q = \sigma^2 q$ . El valor de  $\sigma^2 \delta q$  para una subpoblación se obtiene como  $\sigma^2 \delta q = (1 - q^2) / 4n$ , donde  $n$  es el número de individuos examinados.

Las varianzas de las frecuencias génicas se obtienen de la siguiente manera:

$$\sigma^2 p_0 = \frac{\sum n (p_0 - \bar{p}_0)^2}{\sum n}$$

donde

$$\bar{p}_0 = \frac{\sum p_i^2}{K} - \bar{p}_0^2$$

Nei (1965) ha demostrado que el grado de diferenciación entre subpoblaciones, medido por el coeficiente de endogamia ( $F$ ), se puede obtener como  $F = \sigma^2 q / (q - (1 - q))$  donde  $\bar{q}$  es la frecuencia génica media.

## Resultados y discusión

### I) Análisis de las frecuencias génicas.

Las frecuencias génicas obtenidas para los sistemas estudiados se presentan en la tabla I.

Respecto al sistema transferrina, en todos los lotes estudiados salvo uno, el alelo más frecuente ha sido el D, lo cual coincide con los datos de la mayor parte de los trabajos referidos a las distintas variedades del merino.

Rasmusen y Tucker (1973) estudiaron las relaciones de los tipos de Tf

con la tasa de reproducción. En ese artículo los autores encontraron un exceso de animales de genotipo BD sobre lo esperado, que alteraba la situación de equilibrio en algunos casos.

En nuestros datos, los individuos observados y esperados de Tf BD, en el estudio de 1988, no presentan una desviación significativa del equilibrio.

Variación de frecuencias entre subpoblaciones. Los resultados obtenidos se presentan en la tabla II.

Con algunas excepciones, parece que hay una cierta tendencia a que las frecuencias verdaderas sean mayores que las de muestreo, lo que indicaría que hay diferencias significativas de las frecuencias génicas entre lotes.

En los análisis realizados en 1976 se obtiene que los valores de  $F$  no son de gran magnitud y similares entre sí, lo que parece indicar que las diferencias entre las frecuencias génicas han ocurrido en gran parte debido al azar.

No ocurre lo mismo en la población de 1988, en la que el valor de  $F$  promedio casi dobla el obtenido en 1976, presentándose valores para los distintos lotes bastante diferenciados entre sí, lo que es manifestación de que en este año, y a partir de 1976, se ha producido un efecto diferente al del azar que determinaría una incidencia de la consanguinidad.

### II) Distancias genéticas.

Se han estimado las distancias genéticas entre los 5 lotes, tanto en 1976 como en 1988, con los resultados que se exponen en la tabla III.

Igualmente se ha hecho para hallar

Tabla I. Frecuencias génicas de las líneas en 1976 y 1988. Número de animales entre paréntesis.

Alelos	Líneas en 1976						
	1 (200)	2 (60)	3 (200)	4 (200)	5 (200)		
K <sup>L</sup>	0,885	1	0,896	1	0,909		
K <sup>h</sup>	0,114	0	0,103	0	0,090		
Hb <sup>A</sup>	0,429	0,320	0,308	0,416	0,296		
Hb <sup>B</sup>	0,571	0,680	0,692	0,584	0,704		
Tf <sup>A</sup>	0,137	0,142	0,238	0,116	0,149		
Tf <sup>B</sup>	0,152	0,089	0,164	0,167	0,166		
Tf <sup>C</sup>	0,152	0,141	0,079	0,188	0,131		
Tf <sup>D</sup>	0,5	0,562	0,466	0,464	0,423		
Tf <sup>E</sup>	0,068	0,062	0,056	0,058	0,128		
Tf <sup>S</sup>	0,010	0	0	0,007	0		
Al <sup>S</sup>	0,983	0,976	0,983	1	1		
Al <sup>F</sup>	0,017	0,024	0,017	0	0		
PrAl <sup>S</sup>	0,533	0,450	0,501	0,435	0,536		
PrAl <sup>F</sup>	0,291	0,275	0,364	0,457	0,251		
PrAl <sup>O</sup>	0,179	0,275	0,136	0,109	0,214		

  

Alelos	Líneas en 1988						
	1 (50)	2 (50)	3 (50)	4 (50)	5 (50)	Granda (45)	Hidalgo (46)
K <sup>L</sup>	0,859	1	1	0,859	0,859	—	—
k <sup>h</sup>	0,141	0	0	0,141	0,141	—	—
Hb <sup>A</sup>	0,368	0,274	0,410	0,432	0,298	0,318	0,152
Hb <sup>B</sup>	0,632	0,726	0,590	0,568	0,702	0,682	0,848
Tf <sup>A</sup>	0,127	0,065	0,148	0,167	0,113	0,488	0,151
Tf <sup>B</sup>	0,286	0,065	0,182	0,191	0,250	0,107	0,279
Tf <sup>C</sup>	0,150	0,355	0,080	0,143	0,125	0,048	0,035
Tf <sup>D</sup>	0,400	0,452	0,568	0,452	0,313	0,333	0,523
Tf <sup>E</sup>	0,032	0,065	0,023	0,048	0,188	0,024	0,012
CA <sup>S</sup>	0,794	0,913	0,837	0,796	0,821	0,967	0,946
CA <sup>F</sup>	0,296	0,097	0,163	0,204	0,179	0,033	0,054
EsA <sup>+</sup>	0,320	0,368	0,301	0,466	0,327	0,167	0,940
EsA <sup>-</sup>	0,680	0,633	0,699	0,535	0,673	0,833	0,060
X	0,348	0,292	0,247	0,345	0,230	0,255	0,392
X	0,652	0,718	0,753	0,655	0,770	0,745	0,608

EVOLUCION DE MERINO ESPAÑOL CON MARCADORES GENETICOS.

Tabla II. Variación de frecuencias entre subpoblaciones.

1976	Varianza observada ( $\sigma q^2_o$ )	Varianza de muestreo ( $\sigma \delta q^2$ )	Varianza real ( $\sigma q^2$ )	Coefficiente de endogamia ( F )
Hb <sup>B</sup>	0,0100	0,0012	0,0088	0,0398
Tf <sup>D</sup>	0,0166	0,0024	0,0142	0,0570
Al <sup>S</sup>	0,0004	0,0001	0,0003	0,0344
PrAl <sup>S</sup>	0,0078	0,0063	0,0015	0,0061
				Media:0,0342

  

1988	Varianza observada ( $\sigma q^2_o$ )	Varianza media de muestreo ( $\sigma \delta q^2$ )	Varianza real ( $\sigma q^2$ )	Coefficiente de endogamia ( F )
Hb <sup>B</sup>	0,0044	0,0040	0,0004	0,0017
Tf <sup>D</sup>	0,0111	0,0055	0,0056	0,0229
CA <sup>S</sup>	0,0344	0,0022	0,0322	0,1983
EsA <sup>-</sup>	0,0371	0,0042	0,0329	0,1381
X	0,0070	0,0034	0,0036	0,0174
				Media:0,0767

la similitud entre las ganaderías originales, Hidalgo y Granda, y los lotes de Hinojosa a los que dieron lugar, los números 1 y 3, respectivamente.

En todos los casos se han obtenido los valores de las distancias por el método del coseno, según Nei (1975).

En los dos años parece producirse una cierta desviación del lote número 5, si bien los valores del año 1988 superan a los de 1976, es decir se señala una tendencia a diferenciarse los distintos lotes, confirmándose los resultados obtenidos anteriormente.

Es de resaltar que las distancias genéticas entre las subpoblaciones 1 e Hidalgo así como 3 y Granda presentan una tendencia a ser relativamente

elevado número de generaciones que han transcurrido desde que los lotes 1 y 3 se aislaron de los rebaños que los originaron, lo que podría indicar la fuerte influencia del tipo de estirpes frente a otros factores incidentes en la evolución genética.

### III) Variabilidad genética.

La variabilidad genética dentro de poblaciones se puso de manifiesto también determinando la proporción esperada de heterocigosidad por individuo (H), que se calculó usando la siguiente fórmula:

$$\bar{H} = 1 - \bar{\Sigma} q_i^2$$

Tabla III. Distancias genéticas entre líneas, calculadas por el método del coseno (Nei, 1975), en 1976 (parte superior) y 1988 (parte inferior).

Líneas	1	2	3	4	5		
1	-	0,052	0,021	0,014	0,033		
2		-	0,045	0,038	0,046		
3			-	0,016	0,040		
4				-	0,035		
5					-		

  

Líneas	1	2	3	4	5	Granda	Hidalgo
1	-	0,037	0,109	0,068	0,101	-	0,088
2		-	0,044	0,032	0,061	-	-
3			-	0,096	0,128	0,060	-
4				-	0,147	-	-
5					-	-	-

Donde  $q_i$  era la frecuencia del i-ésimo alelo en un *locus* promediado sobre el total de *loci* examinados. Las tablas IV y V dan resultados para algunos sistemas.

La comparación de la heterocigosis de los dos años de control nos permite inferir el  $\Delta F$  utilizando la expresión de Hanset (1962):

$$H_t = (1 - \Delta F)^{t_4}$$

Teniendo en cuenta que la media del intervalo entre generaciones es de 2,5 años\* y para  $t = 4$ , se obtiene un

$\Delta F = 0,0074$ , indicativo de que la consanguinidad está experimentando muy pequeño avance en la población total.

En la tabla número IV se observa que sólo en dos casos del año 1976 se dan unos resultados significativos de desviación sobre lo esperado, es decir que no pueden ser observadas ventajas estadísticamente significativas de heterocigotos, lo que indica que no podemos encontrar alguna evidencia de la existencia de sobredominancia en estos *loci*.

En los dos sistemas (Hb y PrA1) en los que se producen valores de  $\chi^2$  significativos, la desviación sobre lo esperado se produce en el sentido de que los individuos homocigotos se presentan en mayor número de lo previsto, lo que parece una caracterís-

\* Valor obtenido por  $I = (I_f + I_m) / 2$

$I_i = \Sigma$  (edad del animal x número de hijos nacidos en cada edad.)

EVOLUCION DE MERINO ESPAÑOL CON MARCADORES GENETICOS.

Tabla IV. Heterocigosis de los sistemas estudiados en la población de Hinojosa , en 1976 y 1988, y las líneas Hidalgo y Granda, en 1988.

Población de Hinojosa en 1976					
Sistema	Homocigotos		Heterocigotos		$\chi^2$
	Observados	Esperados	Observados	Esperados	
Hb	433	468,24	410	374,76	5,87*
Tf	140	156,81	341	324,19	2,54
Al	289	288,45	10	10,55	0,04
PrAl	56	73,06	130	112,94	6,72*

  

Población de Hinojosa en 1988					
Sistema	Homocigotos		Heterocigotos		$\chi^2$
	Observados	Esperados	Observados	Esperados	
Hb	92	93,40	121	119,60	0,04
Tf	72	64,41	141	148,59	1,28
CA	169	161,10	44	51,90	1,64

  

Línea Hidalgo (Cáceres) en 1988					
Sistema	Homocigotos		Heterocigotos		$\chi^2$
	Observados	Esperados	Observados	Esperados	
Hb	36	34,20	10	11,86	0,61
Tf	14	16,16	29	26,84	0,46
Al	38	36,57	5	6,43	0,37
CA	25	25,16	3	2,84	0,01

  

Línea Granda (Cáceres) en 1988					
Sistema	Homocigotos		Heterocigotos		$\chi^2$
	Observados	Esperados	Observados	Esperados	
Hb	28	24,91	16	19,01	0,88
Tf	10	15,26	32	26,74	2,84
Al	40	40,01	1	0,99	0,00
CA	42	42,09	3	2,91	0,00

tica bastante generalizada en la población del año 1976, lo cual no puede

explicarse tampoco por efecto selectivo, ni natural, ni artificial.

Tabla V. Heterocigosis por línea y año.

Líneas	1976	1988
1	0,5201	0,4999
2	0,4870	0,4342
3	0,3955	0,4330
4	0,3847	0,4321
5	0,4204	0,456
	$\bar{H} = 0,4379$	$\bar{H} = 0,4511$
Hidalgo	-	0,2871
Granda	-	0,3030
F = 0,0074		

Se ha creído de interés obtener el grado de heterocigosis para los sistemas Tf y Hb para cada lote en 1976 y 1988, teniendo en cuenta el carácter adaptativo que se adjudica a las citadas proteínas y sus posibles relaciones con la tasa reproductiva. Los resultados se exponen en la tabla VII.

Como puede observarse existe para la transferrina, en casi todos los lotes, una tendencia a disminuir el grado de heterocigosis, debido al hecho de que los animales se reproducen en lotes cerrados de pequeño tamaño, ya que la ventaja adaptativa de la homocigosis o heterocigosis parece depender de las circunstancias ambientales.

Si se considera que entre uno y otro año han transcurrido 4 generaciones de ovinos, la tasa generacional de incremento de la consanguinidad se ha elevado a un 3%, aproximadamente. Cuando el mismo análisis se lleva a cabo en el sistema de la Hb, los resultados no tienen el mismo significado

que los de las transferrinas. Podría pensarse que se ha producido, por el contrario, un aumento de la heterocigosis, pero cuando se anulan los datos correspondientes al lote número 2 de pequeño tamaño, las dos heterocigosis medias, las del año 1976 y las de 1988 son estadísticamente iguales. Hay que tener en cuenta el fuerte carácter adaptativo de las transferrinas.

Del conjunto del trabajo podemos obtener las siguientes conclusiones:

1- En el transcurso de las generaciones de 1976 a 1988 se ha producido, independientemente del azar, una mayor diferenciación genética de los lotes como consecuencia de la acción del aislamiento y de la reproducción consanguínea, existiendo diferencias significativas de las frecuencias génicas.

2- Pudiera inferirse que las distancias genéticas entre lotes, reducidas en 1976, se han ido incrementando hasta el año 1988, en gran parte debido al distanciamiento del lote número 5. Sin embargo, hay que tener en cuenta que se han utilizado *loci* diferentes en los estudios de ambos años, por lo que no se puede realizar una afirmación categórica a este respecto. Por tanto, nuestros resultados deben ser considerados solo como indicativos de una tendencia a producirse un distanciamiento entre lotes.

Llama la atención la uniformidad genética, estimada por los marcadores utilizados, que se han encontrado en el total de las merinos españoles, de diferentes orígenes remotos y bastan-



EVOLUCION DE MERINO ESPAÑOL CON MARCADORES GENETICOS.

Tabla VI. Tasa de heterocogosis para transferrina y hemoglobina en 1976 y 1988.

	Heterocogosis de transferrina					media total
	1	2	3	4	5	
1976	0,679	0,632	0,690	0,706	0,737	0,689
1988	0,74	0,5	0,575	0,67	0,545	0,606
% descenso	8,98	20,89	16,67	5,10	26,05	

media total: 11,95% de disminución

	Heterocogosis de hemoglobina					media total
	1	2	3	4	5	
1976	0,527	0,347	0,429	0,493	0,516	0,486
1988	0,513	0,545	0,587	0,472	0,452	0,514

tes aislados reproductivamente, cuando esta uniformidad se compara con las elevadas divergencias que se aprecian en todo el mundo entre las distintas razas o variedades derivadas todas ellas de este merino español. Esto nos inclina a pensar que la formación de los merinos extranjeros han intervenido, en la mayor parte de los casos, otras razas distintas del merino español.

3- Aunque en el conjunto de sistemas polimórficos estudiados, la consanguinidad total ha experimentado un avance pequeño y no se pueden inferir ventajas significativas de la heterocogosis y por lo tanto presencia de sobredominancia en los diferentes *loci*,

en el caso concreto de las transferencias, sistema que puede dar alguna indicación sobre la adaptabilidad (García, 1977), si se ha producido un incremento de la homocogosis dentro de lotes, con un aumento de consanguinidad total que se estima en un 3% por generación.

#### Agradecimientos

Este trabajo ha sido financiado con cargo al proyecto de la Comisión Asesora de Investigación Científica y Técnica (CAICYT), C.S.I.C. 603/319. Asimismo queremos expresar nuestro agradecimiento al Centro de Selección y Reproducción Ovina de Hinojosa

y Reproducción Ovina de Hinojosa del Duque (Córdoba), a los Centros de Trujillo y Miajadas (Cáceres), y a la

Junta de Andalucía por la ayuda concedida a los Grupos de Investigación.

## Bibliografía

- Efremov, G., V. Vaskov and B. Harischo. 1968. Inherited variation in the prealbumins of sheep serum. XIth Europ. Conf. Anim. Blood Grps biochem. Polymorph.: 505-511.
- Garzón, R., J. Luque, D. Llanes, C. Povedano, A. Rodero, J.M. Rodero, M. Vallejo e I. Zaragoza. 1977. Fundamentos históricos y genéticos del Merino español. Publicaciones del Monte de Piedad y Caja de Ahorros de Córdoba. p. 145.
- Hanset, R. 1962. La Genetique des populations d'effectif reduit. II. Consanguinité et heterozygotie. Ann. Med. Vet., VI: 431-456.
- Huisman, T.H.J., G. van der Vliet, and T. Sebeus. 1958. Sheep haemoglobins. I. Some genetic and physiological aspects of two different haemoglobins in sheep. Nature, Lond., 182: 171-172.
- Laguna, E. 1988. Historia del Merino. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. pp. 221-223.
- Nei, M. and Y. Imaizumi. 1966. Genetic structure of human populations. I. Local differentiation of blood group frequencies. Heredity, 21: 9-36.
- Nei, M. 1965. Variation y covariation on gene frequencies in subdivided populations. Evolution, 19: 256-258.
- Nei, M. 1975. Molecular Population Genetics and Evolution. Amsterdam: Morth Holland.
- Nozawa, K. 1970. Populations genetics of farm animals. II. Statistical analysis on the polymorphic populations of goat in southwestern island of Japan. Jap. J. Genet., 45: 45-47.
- Poulik, R.D. 1957. Starch gel electrophoresis in a discontinuous system of buffers. Nature, 180: 1477.
- Rasmusen, B.A. and E.M. Tucker. 1973. Transferrin types and reproduction in sheep. Anim. Blood Grps biochem. Genet., 4: 207-220.
- Tucker, E.M., I. Suzuki and C. Stormont. 1967. Three new phenotypic sistem in the blood of sheep. Vox. Sang., 13: 246-262.