

ESTUDIOS DE BIODIVERSIDAD EN TRES RAZAS BOVINAS AUTÓCTONAS ESPAÑOLAS
(«EN RIESGO»)

MARTÍN-BURRIEL, I.^a, RODELLAR, C.^a, GARCÍA-MURO, E.^a, OSTA, R.^a, RETA, M.^b, SEGUI, G.^c,
SEGUI, J.S.^c Y ZARAGOZA, P.^a.

^a Lab. Genética Bioquímica y Grupos sanguíneos. Facultad de Veterinaria de Zaragoza. 50013 Zaragoza.

^b ITG de Navarra. Carretera del Sadar s/n. Edif. El Sarrio. 31006 Pamplona.

^c Associació de Ramaders de Bestia Bovi de Raça Menorca. Sa Grauja, Carr. Des Grau Km. 0.5 Mao (Menorca).

Desde hace tres años y financiado por el proyecto europeo RESGEN PL98-118 (<http://www.androclus.vet.uu.nl/RESGEN/>), se ha podido analizar en nuestro laboratorio, una serie de razas autóctonas españolas. Este trabajo ha permitido igualmente aprovechar la metodología puesta a punto a nivel europeo para estudiar razas autóctonas españolas que actualmente se encuentran "en riesgo" con la colaboración de distintas asociaciones y entidades.

Se han estudiado 150 animales de las razas Casta Navarra, Betizu y Menorquina, concretamente 50 animales de cada raza elegidos al azar. Para el análisis genético se han genotipado en cada individuo 30 microsátelites estandarizados internacionalmente. Para completar el estudio genético se han utilizado los datos existentes en el laboratorio de las razas Pirenaica y de Lidia, analizadas en las mismas condiciones.

A partir de la información obtenida y utilizando los paquetes estadísticos: BIOSYS (Swofford & Selander, 1989), PHYLIP (Felsenstein, 1993), GENEPOP versión 3.1 (Raymond & Rousset, 1995), FSTAT (Goudet, 1995), BOTTLENECK (Piry et al., 1999), DISPAN (T: Ota Pennsylvania State University), MICROSAT-1 (Minch, 1997) y POPDIST 1.1.1. (Goldbrandstensen et al., 2000), se ha analizado la estructura genética de cada población y se ha estimado la relación genética entre razas.

Para cada población se ha estudiado la variación genética intra raza, estimando la heterocigosidad observada y esperada, el número medio de alelos por locus, el porcentaje de loci polimórficos al 95% y e_2 de equilibrio. Para el estudio de las posibles subdivisiones de cada población se estudió el Índice de Fijación de Wright, y los F estadísticos (Fit, Fst y Fis). El estudio de la diferenciación genética entre poblaciones se ha realizado estimando la distancia genética D_A (Takezaki y Nei, 1996), y elaborándose los correspondientes árboles filogenéticos con el método de Neighbor-joining (Saiton y Nei, 1987) y UPGMA. La robustez de los dendogramas obtenidos se valoró mediante los valores de Bootstrap obtenidos a partir de 1000 réplicas.

Se ha estimado también la distancia de D_{TL} de Tomiuk & Loesdche (1991, 1995), para calcular el tiempo de divergencia entre razas, conociendo de este modo el número de generaciones transcurridas en el proceso de diferenciación.

Los resultados obtenidos indican que cada una de las poblaciones analizadas tiene entidad genética propia, mostrándose claramente diferenciadas cada una de ellas del resto.

El número máximo de alelos encontrado por locus ha sido 12, concretamente en los microsatélites CSSM66, HAUT 27, TGLA 227, TGLA 122 y TGLA 53.

La raza más diferenciada del resto ha sido la Betizu, observándose el origen en un tronco común de las razas Casta Navarra y de Lidia por una parte y Pirenaica, Menorquina y Betizu por otra.