

DISTRIBUCIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA EN LA RAZA DE LIDIA

DISTRIBUTION OF THE GENETIC VARIABILITY IN THE FIGHTING BULL BREED

Cañón, J.*, O. Cortés, D. García, M.A. García-Atance, I. Tupac-Yupanqui y S. Dunner

Laboratorio de Genética. Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM. 28071 Madrid. España. *Autor correspondencia: jcanon@vet.ucm.es

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Diversidad genética. Estadísticos F. Microsatélites. Bovino.

ADDITIONAL KEYWORDS

Genetic diversity. F-statistics. Microsatellites. Bovine.

RESUMEN

Se utilizó el concepto de parentesco molecular y los estadísticos F de Wright para partir la variabilidad genética total de 1640 animales pertenecientes a 77 ganaderías de lidia en sus componentes entre y dentro de grupos (encastes) y, entre y dentro de animales. Se midieron los niveles de endogamia y de parentesco entre los animales de cada encaste y su contribución a la diversidad global. Los encastes explicaron el 20% de la variabilidad genética global, el 43% es atribuible a las diferencias genéticas entre animales y el 37% a la variabilidad genética dentro de animales lo que implica la existencia de una tendencia hacia la homocigosis en los animales de los encastes.

SUMMARY

The total genetic variability of 1640 animals from 77 fighting-bull breeders was assessed and split in its between and within-group (linebreeding=encaste), and between and within animal components, using molecular coancestry and Wright's F-statistics. For each encaste, inbreeding and pairwise coancestry levels were

measured and its contribution to the total diversity was calculated. Encaste explain 20% of the total variability, while 43% can be assigned to differences among animals. The remaining 37% is due to within-individual variability, which would imply a trend towards having homozygous animals in the encastes.

INTRODUCCIÓN

La raza bovina de Lidia es la raza española con una mayor trascendencia fuera de sus fronteras de origen. Su peculiar sistema de producción, junto con una demanda muy diversa de productos en función del tipo de festejo, ha dado lugar a una estructura de población característica, dividida en líneas o encastes, incluso en ganaderías dentro de encastes. El conocimiento de la existencia de estructuras en las poblaciones puede ser de gran utilidad para clasificar a las ganaderías o a los denominados encastes, definir unidades de conservación genética y

Arch. Zootec. 56 (Sup. 1): 391-396. 2007.

entender, identificar o corroborar procesos que han podido dar lugar a la variabilidad que actualmente podemos observar en la raza de Lidia. La identificación de la existencia de estas estructuras puede resultar de gran interés para definir las poblaciones de referencia que han de servir en diversos tipos de análisis genéticos, y también como parte de la información que debería de ser utilizada en programas de conservación. Métodos demográficos junto con estudios del comportamiento de la variabilidad genética constituyen los principales elementos a tener en cuenta en la elaboración de programas de conservación. El objetivo de este trabajo es tratar de atribuir a diferentes fuentes de variación la diversidad genética global de esta raza puesta de manifiesto a través de marcadores que *a priori* deberían de comportarse como neutros.

MATERIAL Y MÉTODOS

En la **tabla I** se presentan el número de ganaderías y el número de animales muestreados por encaste. Se utilizaron 24 marcadores de tipo microsatélite que estaban situados en los 23 primeros cromosomas bovinos, con excepción del cromosoma 11 (ver Cañón *et al.*, 2005).

La medida de diversidad genética que se utilizó se basó en el concepto de parentesco molecular, término acuñado por Caballero y Toro (2002) para referirse a la probabilidad de que dos alelos tomados al azar de una población sean idénticos, definición que coincide con la de homocigosis y que es el valor complementario de diversidad

génica o heterocigosis esperada bajo condiciones de equilibrio Hardy-Weinberg. Cuando el objeto de estudio son poblaciones divididas en subpoblaciones, como es el caso de la raza de Lidia, y pretendemos partir la variabi-

Tabla I. Número de ganaderías por encaste y número de animales por ganadería de los que se obtuvieron genotipos válidos para el análisis. (Number of herds and animals per herds for each strain from which valid genotypes were obtained).

Encaste	Ganaderías	n°
Miura	1	46
Pablo Romero	1	50
Concha y Sierra	1	49
Veragua	1	32
Braganza	1	25
María Montalvo	1	11
Manuel Arranz	1	32
Félix Gómez	1	46
José Marzal	1	50
Hidalgo barquero	4	57
Vega Villar	3	46
Torrestrella	1	50
Antonio Pérez	1	45
Baltasar Ibán	2	52
Marqués de Villamarta	3	60
Cuadri	1	50
Arauz de Robles	1	52
Murube	4	51
Contreras	4	59
Saltillo	4	54
Conde de Santa Coloma	8	154
Marqués de Albasarreda	3	46
Urcola	1	23
Gamero Cívico	4	47
Pedrajas	2	48
Conde de la Corte	1	26
Juan Pedro Domecq	9	212
Atanasio Fernández	6	94
Carlos Núñez	6	73

VARIABILIDAD GENÉTICA EN LA RAZA DE LIDIA

lidad genética global entre las diferentes causas de variación podemos utilizar varios enfoques. En este caso aplicaremos el propuesto por Caballero y Toro (2002) (ver, por ejemplo, el apéndice A de Fabuel *et al.*, 2004) respetando, siempre que ha sido posible, su misma terminología, y otro basado en los estadísticos F de Wright.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la **tabla II** se presentan las estimaciones de los principales parámetros para cada uno de los encastes. Podemos observar que es Cuadri el encaste con mayores valores de endogamia y de parentesco entre sus animales. Las posibles discrepancias entre estos dos parámetros reflejan el alejamiento de la situación de apareamiento aleatorio y puede ser medido mediante el estadístico F_{IS} como $(1 - H_o/H_e)$, siendo H_o y H_e las heterocigosis observadas y esperadas respectivamente. Valores negativos de este parámetro indicarían mayores niveles de heterocigosis observada que los esperados bajo equilibrio, lo que puede ser consecuencia del denominado efecto Wahlund si los animales analizados de ese encaste son resultado de cruzamientos recientes entre animales pertenecientes a líneas o ganaderías genéticamente distantes del mismo encaste, como puede haber ocurrido en Urcola o Conde de la Corte, o provenientes de otros encastes, como puede ser el caso de Manuel Arránz o María Montalvo, que han cruzado ganado de origen Jijona con otro proveniente del origen Vistahermosa. En algunos casos, estos excesos de heterocigosis

podrían ser el resultado de apareamiento asociativo negativo que es posible en algunas ganaderías en las que se ha tratado de compensar caracteres no deseados. En algunos encastes se observan valores de F_{IS} relativamente elevados ($> 15\%$) como es el caso de Conde de Santa Coloma, Juan Pedro Domecq, Gamero Cívico, Hidalgo Barquero, Murube, Pedradas, Saltillo, Vega Villar y Marqués de Villamarta. Estos valores elevados de F_{IS} posiblemente estén indicando una gran diferencia genética entre las ganaderías que integran ese encaste y de las que se han obtenido las muestras para estos análisis. Efectivamente, si en cada uno de esos encastes tratamos de partir la variabilidad genética entre ganaderías y dentro de ganaderías, encontramos que de 112 parejas de valores de F_{ST} (distancias genéticas entre ganaderías), sólo una de ellas no es diferente estadísticamente de 0, es decir, casi todo el valor de F_{IS} encontrado para esos encastes es explicado por las diferencias genéticas entre las ganaderías que lo componen.

El parámetro G_i para cada encaste representa el porcentaje de variabilidad genética que es consecuencia de diferencias genéticas entre los animales de ese encaste, teniendo por lo tanto, una interpretación similar al parámetro F_{IS} . En el caso de que los cruzamientos se produjeran al azar este parámetro toma valores de 0,5, y tiene como límites teóricos los valores 0 cuando, por ejemplo, todos los animales de un encaste son A_1A_2 y 1 cuando, por ejemplo, todos los animales son homocigotos para alternativas alélicas diferentes, A_1A_1 , A_2A_2 , es decir, es como si ese encaste estuviera dividido

Tabla II. Valores de parámetros de diversidad genética por encaste y su contribución a la diversidad genética de la raza de Lidia. (Parameter values of the genetic diversity for each strain and their contribution to the global genetic diversity of the Fighting bull breed).

Encaste	f_{ii}^1	s_i^2	D_{ii}^3	F_i^4	G_i^5	F_{is}^6	${}^7\text{DistNei}/n$	CVG^8
Marqués de Albasarreda	0,477	0,760	0,283	0,520	0,541	0,092	0,197	0,990
Antonio Perez	0,448	0,731	0,283	0,463	0,513	0,037	0,135	0,989
Arauz de Robles	0,469	0,735	0,266	0,469	0,500	0,012	0,172	0,990
Atanasio Fernández	0,449	0,744	0,295	0,488	0,536	0,075	0,128	0,989
Baltasar Ibán	0,429	0,733	0,304	0,466	0,532	0,074	0,131	0,990
Línea Braganza	0,452	0,723	0,270	0,445	0,494	0,020	0,131	0,989
Carlos Núñez	0,360	0,714	0,354	0,428	0,553	0,112	0,100	0,991
Conde de Santa Coloma	0,331	0,726	0,394	0,452	0,590	0,183	0,133	0,993
Contreras	0,322	0,706	0,384	0,412	0,566	0,140	0,098	0,992
Conde de La Corte	0,537	0,763	0,226	0,526	0,488	-0,003	0,158	0,987
José Marzal	0,408	0,705	0,297	0,410	0,502	0,018	0,127	0,990
Cuadri	0,542	0,785	0,244	0,570	0,531	0,074	0,194	0,988
Juan Pedro Domecq	0,419	0,755	0,336	0,510	0,579	0,153	0,105	0,989
Cruces Jijona Félix Gómez	0,396	0,708	0,312	0,417	0,517	0,047	0,148	0,991
Gamero Cívico	0,456	0,783	0,327	0,566	0,601	0,203	0,139	0,989
Hidalgo Barquero	0,396	0,743	0,347	0,486	0,574	0,157	0,107	0,990
Manuel Arranz	0,462	0,721	0,259	0,442	0,482	-0,021	0,154	0,989
Miura	0,420	0,736	0,316	0,473	0,545	0,107	0,189	0,992
María Montalvo	0,479	0,725	0,245	0,449	0,471	-0,008	0,125	0,988
Murube	0,444	0,766	0,322	0,532	0,579	0,178	0,139	0,989
Pablo Romero	0,432	0,728	0,297	0,457	0,522	0,054	0,195	0,992
Pedrajas	0,433	0,756	0,323	0,511	0,569	0,148	0,135	0,990
Saltillo	0,357	0,752	0,395	0,505	0,615	0,239	0,120	0,992
Línea Concha y Sierra	0,354	0,695	0,341	0,390	0,528	0,071	0,143	0,993
Torrestrella	0,435	0,715	0,280	0,430	0,496	0,001	0,121	0,989
Urcola	0,400	0,683	0,283	0,366	0,472	-0,037	0,129	0,991
Vega Villar	0,388	0,768	0,379	0,536	0,620	0,254	0,154	0,992
Línea Veragua	0,412	0,711	0,299	0,422	0,509	0,041	0,138	0,991
Marqués de Villamarta	0,395	0,742	0,346	0,483	0,573	0,153	0,120	0,991
	0,424	0,735	0,311	0,47	0,538	0,089	4,066	0,716 ⁹

¹Parentesco de los animales del encaste i ; ²Parentesco consigo mismo de los animales del encaste i ; ³Distancia media entre los animales del encaste i ; ⁴Endogamia del encaste i ; ⁵Porcentaje de diversidad entre animales; ⁶representa el coeficiente de endogamia de un animal respecto al encaste al que pertenece; ⁷Distancia mínima de Nei promedio de cada encaste al resto de encastes; ⁸CVG: Contribución a la variabilidad genética; es el resultado de sumar los promedios de la columna 7 con el valor complementario de la 1, por ejemplo, $0,990 = 0,197/29 + (1 - 0,477/29)$; ⁹Diversidad genética global en la raza de Lidia = $4,066/29 + (1 - 0,424)$.

VARIABILIDAD GENÉTICA EN LA RAZA DE LIDIA

en ganaderías genéticamente diferentes que no se mezclan y dentro de cada una de ellas todos los animales fueran genéticamente iguales. Obsérvese cómo, en general, encastes que pueden ser resultado de cruzamientos tienden a tener un valor inferior al 50%.

En la **tabla II** aparecen las contribuciones proporcionales de cada uno de los encastes a la diversidad genética global de la raza de Lidia. Debemos resaltar que los encastes Miura y Pablo Romero están entre los encastes que más contribuyen a esa diversidad global, y ello a pesar de su reducida variabilidad genética, como consecuencia de su elevado distanciamiento genético del resto de encastes. Sin embargo, otros encastes que están entre los que más contribuyen proporcionalmente a la diversidad global, lo hacen debido a la mayor variabilidad genética interna, es decir, por la mayor distancia genética entre los animales del encaste. Este es el caso, por ejemplo, de los encastes de Santa Coloma, Contreras, Saltillo o Concha y Sierra.

Si asignamos el valor 100 a la diversidad genética global (0,716), podemos expresar la importancia relativa de las diferentes fuentes de diversidad, encaste, animal, dentro de animal, en porcentaje respecto del total. El porcentaje de diversidad genética que es explicada por la existencia de encastes es del 20 % ($p < 0,001$). De la variabilidad genética que se distribuye dentro de encastes, el 80% restante, el 43% es atribuible a diferencias genéticas entre animales y el 37% a la variabilidad genética dentro de animales. Se puede constatar una tendencia hacia la homocigosis en los animales de los encastes, es decir, mayor acumulación

de variabilidad entre animales, que dentro de ellos, con un porcentaje medio de variabilidad entre animales respecto del total del 54%. Esta tendencia es especialmente elevada en los encastes de Vega Villar, Saltillo o Gamero Cívico.

Una forma sencilla de analizar e interpretar cómo esta distribuida la variabilidad genética en la raza de Lidia es mediante la estimación de los denominados estadísticos F de Wright (F_{IS} , F_{ST} , y F_{IT}), entre los que existe una sencilla relación: $(1 - F_{IT}) = (1 - F_{IS})(1 - F_{ST})$. Podemos observar en los resultados presentados en la **tabla III** un elevado nivel de diferenciación genética entre los encastes (20%), este valor es claramente mayor que los valores que suelen diferenciar las razas entre sí. Así, por ejemplo, los valores de F_{ST} entre razas bovinas europeas es alrededor del 7 por 100 en promedio (Cañón, comunicación personal), y entre las razas autóctonas Retinta, Avileña y Morucha es inferior al 5% (datos no presentados).

Es bien sabido que en poblaciones subdivididas, como es el caso de la existencia de los encastes en la raza de Lidia, la variabilidad genética de la población base se transforma en variabilidad genética entre encastes. Esta división de la raza de Lidia ha permitido una acumulación de la variabilidad

Tabla III. Valores medios e intervalos de confianza del 95% (IC95) de los estadísticos F de Wright. (Mean values and 95% confidence intervals for the Wright's F statistics).

	F_{IS}	F_{ST}	F_{IT}
medios	0,09	0,20	0,26
IC95	0,06-0,11	0,19-0,21	0,25-0,27

genética entre los encastes como consecuencia de importantes procesos de deriva, y aunque el tamaño efectivo global de la raza se reduzca como consecuencia de esta división, ha podido resultar una buena estrategia para el mantenimiento de la variabilidad genética global.

AGRADECIMIENTOS

La financiación para este trabajo ha sido provista por la CICYT y fondos FEDER nº 2FD97-1191, así como por el INIA y fondos FEDER nºs RZ01-002-C2-1, RZ01-002-C2-2 y RZ2004-00009.

BIBLIOGRAFÍA

- Cañon, J., J. Fernandez, O. Cortes, D. Garcia, M.A. Garcia-Atance y S. Dunner. 2005. Análisis de la estructura genética de la raza de Lidia utilizando marcadores de ADN. Libro de Ponencias del V Congreso Mundial de Veterinaria Taurina. Consejo General de Colegios Veterinarios de España. 11-13 Mayo, Valladolid. pp. 51-74.
- Caballero, A. and M.A. Toro. 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conserv. Genet.*, 3: 289-299.
- Fabuel, E., C. Barragán, L. Silió, M.C. Rodríguez and M.A. Toro. 2004. Analysis of genetic diversity and conservation priorities in Iberian pigs based on microsatellite markers. *Heredity*, 93: 104-113.