

ESTIMACIÓN DEL GRADO DE SUBDIVISIÓN EN LA POBLACIÓN DE OVEJA DE RAZA XALDA DE ASTURIAS

J. Antonio Álvarez Sevilla

ACOXIA
Oviedo/Uviéu

Félix Goyache
SERIDA-Somió-Gijón

RESUMEN

Se pretende comprobar, mediante el análisis del Libro Genealógico de ACOXA, la existencia de subdivisión en la población Xalda y si ésta depende de la estructuración de los animales en líneas paternas o en explotaciones con cierto grado de aislamiento genético. El cociente entre el incremento en consanguinidad y el incremento en coascendencia en la población Xalda presente fue de alrededor de 2, indicando la existencia de subdivisión. El 86% de los individuos de genealogías conocidas pertenecen a una de las 5 líneas que han aportado más de 100 individuos al Libro Genealógico: l'Satán, l'IsidroRozada, l'Candanéu, l'Valle y l'Oubal.lu. Sin embargo la variabilidad genética está representada en mayor medida por líneas de menor influencia en el Libro Genealógico: L'Stephan (7), l'SotuRei (17) y, sobre todo, l'Argüeru (21). Las explotaciones que recogieron mayor diversidad fueron aquellas de establecimiento relativamente reciente, inician un proceso que crea sucesos locales de diversidad.



INTRODUCCIÓN

La oveja Xalda es una raza de protección especial incluida como tal en el Real Decreto 1662/1997, de 7 de noviembre, por el que se actualiza el Catálogo Oficial de Razas de Ganado de España. La oveja Xalda presenta un importante valor de adaptación al medio y su importancia histórica y cultural en el ámbito del Principado de Asturias ha sido claramente establecida (Álvarez Sevilla, 1999, 2001, 2004). Tras su reconocimiento por la administración del Principado de Asturias en 1998, el Libro Genealógico de la Oveja de raza Xalda de Asturias comenzó su funcionamiento oficial incluyendo aquellas genealogías recogidas por los miembros de la Asociación de Criadores de Oveja Xalda de Asturias (ACOXÁ) desde su constitución en 1992. En él se incluyeron las genealogías recogidas por los promotores de ACOXA en los años previos a su fundación. En este momento ACOXA ya dispone de una información mínima suficiente incluida en el Libro Genealógico de la raza ovina Xalda de Asturias para realizar estudios útiles para la puesta a punto de estrategias útiles para conservación de la variabilidad genética de la población.

Entre los factores que más contribuyen al aumento de la consanguinidad en una población animal se encuentra la subdivisión (Falconer y Mackay, 1996). Todas las poblaciones reales de animales domésticos presentan algún grado de subdivisión, más o menos evidente, que se manifiesta en el apareamiento preferencial de individuos con los que se encuentran más próximos. Esta subdivisión se traduce en un incremento en la consanguinidad global por generación superior al correspondiente incremento en coascendencia, de manera que la comparación entre ambos puede proporcionar una forma sencilla de medir el grado de subdivisión equivalente (Cervantes et al., 2008).

El objetivo del presente estudio es la comprobación de la existencia de subdivisión en la población Xalda. Las causas de esta posible subdivisión, fundamentalmente la estructuración de los animales en líneas paternas o en explotaciones con cierto grado de aislamiento genético serán discutidas.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha analizado la información de 2.847 (322 machos) de los que 1.130 (92 machos) habían nacido en los últimos tres años de registro del Libro Genealógico de ACOXA. El análisis de los registros del Libro Genealógico se ha realizado utilizando el programa ENDOG v4.5 (Gutiérrez y Goyache, 2005) mediante el cálculo de los siguientes parámetros para cada individuo:

- Coeficiente de consanguinidad.
- Número de hijos inscritos en el Libro Genealógico de ACOXA.

Se han definido las siguientes subpoblaciones dentro del Libro Genealógico de ACOXA:

- animales nacidos en los últimos tres años de registro. Este grupo de animales se aproxima a la última generación en la raza Xalda, ya que el intervalo generacional medio en la raza es de, aproximadamente, 3 años (Goyache et al., 2003).
- animales vivos en el momento del análisis
- animales pertenecientes a líneas paternas determinadas. Una línea paterna se define, independientemente del sexo del individuo, como la descendencia ininterrumpida por la vía macho a partir de un sólo macho fundador (Royo et al., 2007).

Para cada subpoblación se ha calculado:

- La coascendencia media dentro y entre subpoblaciones (Malécot, 1948).
- La distancia mínima de Nei (D_m , Nei, 1987) entre poblaciones que se calcula como $D_m = [(f_{kk} + f_{mm})/2] - f_{km}$, siendo f_{kk} la coascendencia media dentro de la subpoblación k y f_{km} la coascendencia media entre las subpoblaciones k y m .
- Los estadísticos F de Wright (1969), F_{IS} , F_{ST} , y F_{IT} (definidos, respectivamente, como la ganancia en homocigosis dentro de población, ganancia en homocigosis debida a la subdivisión de la población y ganancia en homocigosis en la población completa), calculados como

$F_{IS} = \frac{\tilde{F} - \tilde{f}}{1 - \tilde{f}}$, $F_{ST} = \frac{\tilde{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}}$, and $F_{IT} = \frac{\tilde{F} - \bar{f}}{1 - \bar{f}}$, siendo \tilde{f} , \tilde{F} respectivamente la coascendencia media y el coeficiente de consanguinidad medio de la población completa y \bar{f} la coascendencia media de la (sub)población (Caballero y Toro, 2002).

Utilizando el Procedimiento MDS del programa estadístico SAS/STAT® (1999) se realizó un análisis de escala multidimensional sobre las matrices de distancias de Nei. El análisis de escala multidimensional es una técnica exploratoria que permite la visualización de proximidades en un espacio de pocas dimensiones. La interpretación de las dimensiones permite conocer las razones subyacentes de la proximidad de las entidades analizadas.



RESULTADOS

Las consanguinidades medias de la población viva y nacida tres años antes del análisis fueron, respectivamente, del 7,4% y 8,0%. Las correspondientes coascendencias media fueron de 1,7% y 1,8%. Siguiendo a Cervantes et al. (2008), el cociente entre el incremento en consanguinidad y el incremento en coascendencia es un indicador intuitivo del grado de subdivisión de una población. En este sentido, los cocientes correspondientes a la población viva y nacida tres años antes del análisis 1,91 y 2,09.

Los valores de los estadísticos F de Wright (1987), F_{IS} , F_{ST} , y F_{IT} para las poblaciones viva y nacida tres años antes del análisis fueron, en ambos casos 0,014, 0,001 y 0,015, respectivamente.

Se identificaron 23 líneas paternas en los registros analizados. La Tabla 1 proporciona un listado del número de individuos inscritos en el Libro Genealógico, perteneciente a cada una de ellas. Nótese que el 86% de los individuos de genealogías conocidas pertenecen a una de las 5 líneas que han aportado más de 100 individuos al Libro Genealógico: l'Satán (4), l'Isidro Rozada (18), l'Candanéu (19), l'Valle (2) y l'Oubal.lu (22).

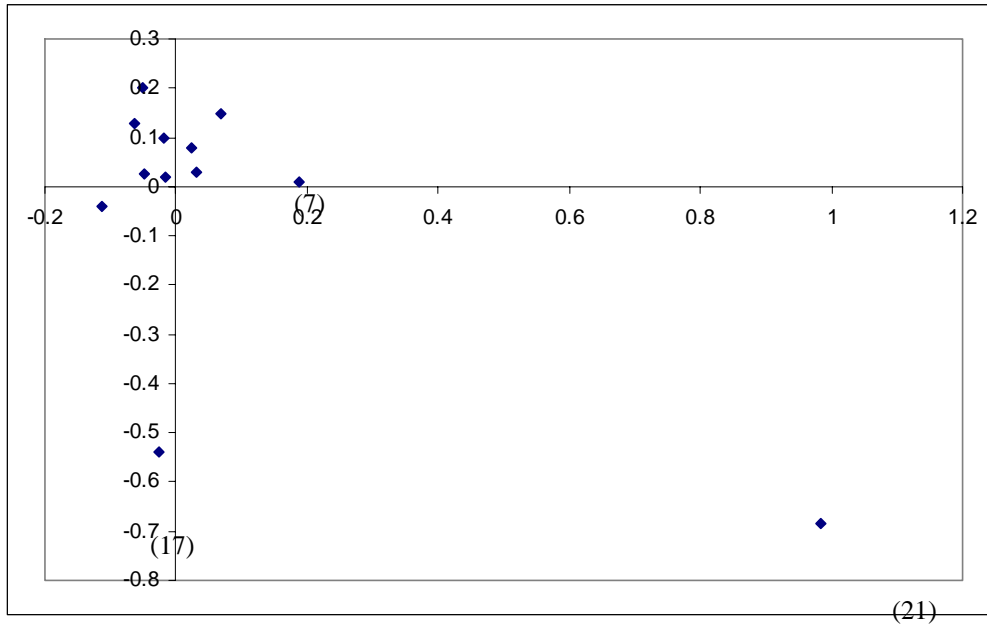
En la Figura 1 puede observarse de forma gráfica el grado de diferenciación existente entre las líneas paternas más importantes identificadas en la raza Xalda. Como puede observarse, la mayor parte de las líneas, incluyendo las de mayor peso en las genealogías de la raza se encuentran muy próximas entre sí, señalando una muy baja diferenciación. En es sentido, la mayor parte de la diferenciación corresponde a tres líneas de menor representación: L'Stephan (7), l'SotuRei (17) y, sobre todo, l'Argüeru (21).

Tabla 1: Número de animales inscritos en el Libro Genealógico de la raza Xalda por cada una de las 23 líneas paternas identificadas.

Línea paterna	Número de hijos inscritos en el Libro Genealógico
3	1
5	1
6	1
11	1
13	1
1	2
20	2
9	3
16	3
12	5
23	6
21	7
7	27
17	31
10	36
8	50
14	56
15	80
22	101
2	136
19	297
18	359
4	1066

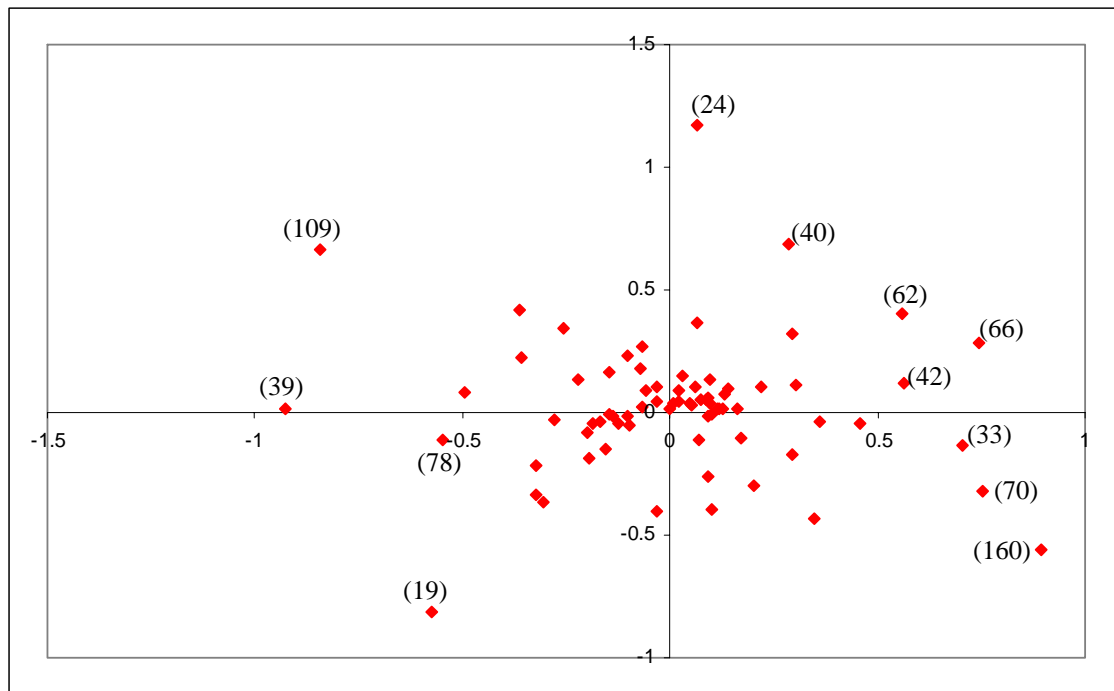


Figura 1: Gráfico bidimensional correspondiente a la matriz de distancias de Nei entre líneas paternas incluidas en el Libro Genealógico de la raza Xalda. El análisis se ha limitado a las líneas paternas con 6 o más de 6 productos incluidos en el Libro Genealógico. Los números entre paréntesis corresponden a las líneas paternas listadas en al Tabla 1.



En la Figura 2 puede observarse de forma gráfica el grado de diferenciación existente entre las explotaciones de mayor importancia cuantitativa en el Libro genealógico de la raza Xalda. Como puede observarse, la mayor parte de las líneas, incluyendo las de mayor peso en las genealogías de la raza se encuentran muy próximas entre sí, señalando una muy baja diferenciación. En es sentido, la mayor parte de la diferenciación corresponde a tres líneas de menor representación: L'Stephan (7), l'SotuRei (17) y, sobre todo, l'Argüeru (21).

Figura 2: Gráfico bidimensional correspondiente a la matriz de distancias de Nei entre explotaciones incluidas en el Libro Genealógico de la raza Xalda. El análisis se ha limitado a las líneas paternas con 10 o más de 10 productos incluidos en el Libro Genealógico. Los números entre paréntesis corresponden a los números de identificación de las explotaciones en el Libro Genealógico.



DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

Los resultados de una primera aproximación al Libro Genealógico de la raza ovina Xalda resultan parcialmente contradictorios y, en todo caso, no concluyentes. Teniendo en cuenta la relativamente escasa profundidad del pedigrí de la oveja Xalda, las consanguinidades medias de la población presnete (entendida como población viva o población nacida tres años antes del análisis) no son en absoluto despreciables y parecen resultado de un desequilibrio en la utilización de animales fundadores que, en la línea macho está muy desequilibrada hacia la línea paterna 4. El hecho de que entre 5 líneas paternas resuman la mayor parte del Libro Genealógico ilustra la dificultad de planificar a apareamientos entre animales no emparentados, lo que produce como resultado un fuerte aumento de la consanguinidad consecuencia de la acumulación de pedigrí.

Toda subdivisión en una población tiene como consecuencia directa el aumento de la consanguinidad: los animales de un área geográfica, explotación o línea seleccionada tiene más posibilidades de aparearse entre sí que con otro animal cualquiera de la población (Falconer y McKay, 1996). En sentido

contrario, cualquier exceso de consanguinidad respecto de los niveles de coascendencia entre los individuos de una población permite suponer un cierto grado de división. El cociente entre el incremento en consanguinidad y el incremento en coascendencia calculado para las poblaciones presentes de la oveja Xalda fue cercano a 2 lo que expresa claramente la existencia de una subdivisión. Este tipo de aproximaciones intuitivas pueden ser más adecuados, en situaciones de poco pedigrí disponible, que las aproximaciones clásicas basadas en el estadístico F_{ST} , que, en las poblaciones presentes de la oveja Xalda indicaría un grado de diferenciación con la población ancestral prácticamente nulo.

Se ha testado si la subdivisión en la raza Xalda puede deberse a dos causas fundamentales: a) la existencia de líneas seleccionadas que los ganaderos pueden tender a utilizar más debido a su buen rendimiento en términos de tipo (Goyache et al., 2003); o b) a la división de la población en explotaciones cuyos individuos tienden a aparearse en mayor medida entre sí.

La Figura 1 muestra claramente la pequeña diferenciación existente entre líneas paternas en la raza Xalda. Parece razonable que por la vía hembra, los ganaderos estén aprovechando las buenas características de una línea en apareamientos planificados. Esto tiende a borrar las diferencias entre líneas paternas. Sin embargo, existen, al menos tres líneas menores que permiten garantizar la conservación de un mínimo grado de diferenciación entre individuos: L'Stephan (7), l'SotuRei (17) y l'Argüeru (21). El hecho de que las líneas paternas 7 y 17 se encuentren prácticamente extinguidas en la actualidad pone de manifiesto la necesidad de planificar apareamientos que permitan su recuperación.

El grado de subdivisión existente en la raza Xalda puede deberse, en mayor medida a la existencia de explotaciones con un menor grado de relación genética con el resto de la población. Las explotaciones que muestran un mayor grado de diferenciación en la Figura 2 son explotaciones de establecimiento relativamente reciente, que han aportado entre 10 y 33 animales al Libro Genealógico. Son explotaciones, que tras adquirir animales

de diversos orígenes inician un entusiasta proceso de cría en el que aprovechan las características de sus propios animales creando sucesos locales de diversidad.

Todo proceso de cría en pureza conlleva selección y una posible disminución de variabilidad genética. La subdivisión de la población puede ocasionar indeseables efectos en el aumento de consanguinidad y pérdidas de diversidad genética. Sin embargo, teóricamente, un grado de subdivisión puede ser admisible para maximizar la variabilidad genética existente en una población (Falconer y McKay, 1996). Recientemente, se han propuesto ciertos procedimientos de gestión para el aprovechamiento de la subdivisión en poblaciones en riesgo (Fernández et al., 2008). Sin embargo, estos procedimientos tiene un alto grado de complejidad técnica y, especialmente, organizativa. Sin la existencia de ACOXA la realización de este tipo de planes no podría realizarse y los procesos selectivos que vive la raza Xalda se realizaría sin la adecuada planificación afectando a los planes de conservación instrumentados por las administraciones públicas.



AGRADECIMIENTOS

Este trabajo no hubiera podido desarrollarse sin el total apoyo de los socios de ACOXA. Gracias al Área de Genética y Reproducción Animal del SERIDA por su apoyo en el análisis del Libro Genealógico.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Álvarez Sevilla J.A.** 1999. Protohistoria y ganadería. En El Ganado vacuno del Tronco Castaño, pp.11-18, Imprenta Narcea S.L., Granda-Siero (Asturias).
- Álvarez Sevilla, A.** 2001. Les races autóctones del Principáu d'Asturies, pp.11-18, Fundación Belenos, 33007 Uviéu/Oviedo (Principau d'Asturies).
- Álvarez Sevilla A., Gutiérrez J.P., Fernández I., Royo L.J., Álvarez I., Gómez E., Goyache F.,** 2004. Conservación de la oveja Xalda de Asturias. *AGRI*, 34: 41-49.
- Cervantes, I., Goyache F., Gutiérrez, J.P.,** 2008. El cociente entre incrementos de endogamia y de coascendencia como medida de subdivisión poblacional. Resultados preliminares. *ITEA*, 104: 303-307.
- Falconer, D.S., McKay, T.F.C.,** 1996. Introduction to Quantitative Genetics, Longman, Harlow
- Fernández, J., Toro, M. A., Caballero, A.,** 2008. Management of Subdivided Populations in Conservation Programs: Development of a Novel Dynamic System. *Genetics*, 179: 683-692
- Goyache, F., Gutiérrez, J.P., Fernández, I., Gómez, E., Álvarez, I. Díez, J., Royo, L.J.** 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.* 120: 95-103
- Gutiérrez, J.P., Goyache, F.,** 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122: 172-176.

Nei, M., 1987. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press, New York, 512 pp.

Wright, S., 1978. Evolution y the genetics of populations: Vol. 4. Variability within y among natural populations. University of Chicago Press: Chicago. USA