

Estudio de las diferencias genéticas a nivel genealógico y molecular de diferentes subpoblaciones de caballo de Pura Raza Árabe en función de su objetivo de cría

José Francisco Delgado Blas. Nerea de Andrés Fernández.

Dpto. de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM. Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040 Madrid.
jf.delgado@estumail.ucm.es ndeandres@estumail.ucm.es

Isabel Cervantes Navarro. Juan Pablo Gutiérrez García.

Dpto. de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM. Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040 Madrid.
icervantes@vet.ucm.es

Resumen: El caballo de Pura Raza Árabe (PRá) constituye una de las razas más valoradas a nivel internacional e histórico por sus aptitudes y por su contribución en la formación de otras razas. En el programa de mejora de esta raza en España se establecen unos objetivos de selección que se centran en mejorar la morfología y la funcionalidad de la raza. El objetivo de este estudio fue determinar las diferencias que existen entre tres subpoblaciones del PRá definidas por su objetivo de cría, utilizando información molecular y genealógica. Se emplearon datos genealógicos y moleculares de 120 animales. Los datos moleculares se obtuvieron a partir de muestras de ADN extraídas del pelo, y fueron analizados con el programa MOLKIN 2.0, determinando los principales parámetros relacionados con la variabilidad. Los datos genealógicos proceden de la información recopilada y registrada en el Libro Genealógico de la raza. Se realizó un análisis de la probabilidad de origen de los genes, de la consanguinidad y el tamaño efectivo, utilizando el programa ENDOG 4.8. Los análisis indicaron que, tanto molecular como genealógicamente, la distancia entre las subpoblaciones es pequeña, por lo que un caballo con un objetivo de cría concreto no está genéticamente muy diferenciado con respecto al resto. Sin embargo, el grupo de morfología es siempre el que se presentó más alejado. Asimismo, es el grupo de morfología el que más variabilidad genética presenta. Ambos tipos de análisis llegaron a las mismas conclusiones, siendo ambos válidos para estudiar la estructura genética de esta población.

Palabras clave: equinos. Pura Raza Árabe. Análisis genealógico. Análisis molecular. Variabilidad genética.

INTRODUCCIÓN

El caballo de Pura Raza Árabe (PRá) es una de las principales razas puras a nivel

internacional e histórico gracias a su contribución en la formación de muchas otras. En España existe una de las poblaciones principales pertenecientes a esta raza con un censo de 13783⁽¹⁾. La cría del caballo árabe español tiene su origen en el seno del ejército y se ha continuado hasta hoy día gracias a las aptitudes funcionales y morfológicas de la raza, que la hacen muy apta para su uso en actividades deportivas y lúdicas. Actualmente, tanto la gestión del Libro Genealógico como la del Programa de Mejora (aprobado en 2005) se llevan a cabo por la Asociación Española de Criadores de Caballos Árabes (AECCA). En este programa de mejora se establecen unos objetivos de selección que, principalmente, se centran en mejorar la morfología y la funcionalidad de la raza. Esta raza es muy versátil, por lo que el PRá español se utiliza para las carreras de Raid, entre otras disciplinas deportivas, y para competir en concursos morfológicos de la raza.

Los estudios de la estructura genética de una población se pueden desarrollar utilizando información genealógica (pedigrí) y molecular (ADN). Ambas fuentes de información son complementarias, ya que, por ejemplo, en casos con escasa genealogía disponible, la información molecular ayuda a determinar la variabilidad genética de una población. El objetivo de este trabajo fue determinar las similitudes o diferencias a nivel molecular y genealógico entre los animales pertenecientes a diferentes objetivos de cría: caballos para competiciones de Raid, para concursos morfológicos o de aptitud mixta.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han utilizado los datos moleculares y genealógicos de un total de 120 animales de PRá (50 hembras, 48 machos y 22 castrados), con una edad comprendida entre 3 y 14 años. Se agruparon en los tres diferentes objetivos de cría, siendo 45 individuos los de aptitud morfológica, 49 los de aptitud para raid y 26 de aptitud mixta.

Para llevar a cabo el análisis molecular, la extracción del ADN se hizo a partir de la raíz de una muestra de pelos. Estos animales han sido genotipados para un panel de 17 marcadores moleculares de tipo microsatélite (AHT4, AHT5, ASB17, ASB23, CA425, HMS1, HMS2, HMS3, HMS6, HMS7, HTG10, HTG4, HTG6, HTG7, LEX3, VHL20 y ASB2). Se obtuvieron parámetros relacionados con la variabilidad genética y con la diversidad alélica, tales como la heterocigosis observada y esperada, el índice de contenido polimórfico y el número efectivo de alelos. Para realizar estos análisis se utilizó el programa informático Molkin 2.0⁽²⁾.

Para el análisis genealógico se ha utilizado el pedigrí de cada uno de los animales hasta la última generación conocida. Se ha realizado un estudio de probabilidad de origen de los genes (número efectivo de ancestros y fundadores) y se ha calculado la consanguinidad media y el tamaño efectivo para las tres subpoblaciones. Los análisis genealógicos se realizaron con el programa ENDOG 4.8⁽³⁾.

La estructura genética de la población se ha estudiado tanto a nivel molecular como genealógico mediante los estadísticos F de Wright⁽⁴⁾ y la Distancia Mínima de Nei⁽⁵⁾.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis molecular

En la Tabla 1 se presentan los valores de heterocigosis observada (H_o), heterocigosis esperada (H_e), índice de contenido polimórfico (PIC) y número efectivo de alelos (N_{EA}) por objetivo de cría. Los valores de H_o oscilaron entre 0,524 y 0,536 y los de H_e , entre 0,640 y 0,672, presentando valores muy parecidos en las tres subpoblaciones. La diferencia de valores entre H_o y H_e nos indicó que no existe apareamiento aleatorio dentro de las subpoblaciones. El PIC presentó un rango entre 0,463 y 0,486 y el N_{EA} , entre 3,269 y 3,476, indicando la riqueza en cuanto a polimorfismo genético de los marcadores utilizados. Aunque los valores son similares en las diferentes subpoblaciones, cabe destacar que el grupo de morfología es siempre el que presentó los valores más altos en todos los parámetros, mostrando que retiene una mayor variabilidad genética.

	H_o	H_e	PIC	N_{EA}
Morfología	0,536	0,672	0,486	3,476
Raid	0,527	0,657	0,480	3,399
Mixta	0,524	0,640	0,463	3,269

Tabla 1. Principales estadísticos moleculares relacionados con la situación de variabilidad para las subpoblaciones según su objetivo de cría. H_o : Heterocigosis observada; H_e : heterocigosis esperada; PIC: índice de contenido polimórfico; N_{EA} : número efectivo de alelos.

Las distancias F_{ST} (Tabla 2, debajo de la diagonal), cuyos valores oscilaron entre 0,00377 y 0,01200, y las distancias mínimas de Nei (Tabla 2, encima de la diagonal), que obtuvieron un rango entre 0,00527 y 0,01674, demostraron que existe escasa diferenciación genética entre las subpoblaciones creadas. Asimismo, podemos observar que, aún siendo pequeñas las distancias entre todas las subpoblaciones, la que está más alejada es la de morfología. Los F_{IS} (coeficiente de consanguinidad medio de un individuo respecto a su subpoblación) fueron positivos, lo que indica que existen apareamientos consanguíneos dentro de los grupos.

	Morfo	Raid	Mixta
Morfología	0,17090	0,01546	0,01674
Raid	0,01193	0,17329	0,00527
Mixta	0,01200	0,00377	0,16474

Tabla 2. F_{IS} (diagonal), F_{ST} (debajo de la diagonal) y las distancias mínimas de Nei (encima de la diagonal) de las tres subpoblaciones en estudio.

Análisis genealógico

En la Tabla 3 se presenta una comparativa, entre los tres grupos, de los principales parámetros genealógicos. Entre ellos, debemos destacar el número efectivo de ancestros,

que tiene un rango entre 11 y 16, siendo el mayor el perteneciente al grupo de morfología, aunque este número sólo es útil a efectos comparativos con el número de fundadores y no es representativo de la población. Al comparar este valor con el rango del número efectivo de fundadores, podemos observar que se ha producido un cuello de botella en todos los grupos, es decir, que no todos los fundadores fueron utilizados en la misma proporción para proseguir la cría, produciéndose la consecuente pérdida de variabilidad genética.

El tamaño efectivo fue de 41,3, 36,4 y 30,6 para los grupos de morfología, aptitud mixta y raid, respectivamente. Debido a su relación directa con la consanguinidad, el tamaño efectivo se considera un parámetro que mide el grado de variabilidad genética de una población y permite tomar decisiones en relación a su gestión genética ⁽⁶⁾. En cuanto a la consanguinidad media, es mayor para los individuos de Raid (11%), los de aptitud mixta obtuvieron un valor intermedio (9,1%) y el menor valor se presenta en los individuos criados para Morfología (7,7%). Todos los parámetros genealógicos relacionados con la variabilidad genética indicaron que es, nuevamente, el grupo de morfología en el que más variabilidad genética se retiene.

	Morfología	Raid	Mixta
Número de individuos analizados	45	49	26
Número de fundadores	178	123	146
Número efectivo de fundadores	39	25	27
Número total de ancestros	60	57	40
Número de ancestros que explican el 50% de la variabilidad genética	7	4	4
Número efectivo de ancestros	16	11	11
Tamaño efectivo	41,3	30,6	36,4
Consanguinidad media (%)	7,7	11,0	9,1

Tabla 3. Resumen de los principales parámetros que caracterizan la variabilidad genética de la población del PRA considerando los distintos grupos de animales según su objetivo de cría.

En la Tabla 4 se presentan las distancias F_{ST} (debajo de la diagonal), cuyos valores oscilan entre 0,00836 y 0,01022, y las distancias mínimas de Nei (encima de la diagonal), que obtuvieron un rango entre 0,01662 y 0,02028. Al igual que en el análisis molecular, aunque la diferenciación genética no es elevada, el grupo de Morfología es el más distante con respecto a los otros dos. En la diagonal se presentan los valores F_{IS} ; en este caso se observó un valor negativo en la subpoblación de aptitud mixta que puede ser debido al menor tamaño de la muestra.

A la vista de los resultados podemos concluir que, tanto molecular como genealógicamente, la distancia entre las subpoblaciones es mínima. Por lo que un caballo con un objetivo de cría concreto no está genéticamente muy diferenciado con respecto al resto de objetivos. Sin embargo, hemos de destacar que siempre es el grupo de morfología el que se presenta más alejado del resto, tanto a nivel genealógico como

molecular. Esto también fue hallado cuando se estudiaron las tres poblaciones a nivel morfozoométrico ⁽⁷⁾. Asimismo, es el grupo de morfología el que más variabilidad genética presenta.

	Morfología	Raid	Mixta
Morfología	0,00773	0,01886	0,02028
Raid	0,01022	0,00473	0,01662
Mixta	0,01017	0,00836	-0,01752

Tabla 4. F_{is} (diagonal), F_{ST} (debajo de la diagonal) y las distancias mínimas de Nei (encima de la diagonal) de las tres subpoblaciones en estudio.

Por último, se puede concluir que los análisis molecular y genealógico son congruentes, siendo ambos válidos para estudiar la estructura genética de esta población.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido realizado al amparo del Programa de Mejora del Caballo de Pura Raza Árabe desarrollado por la Asociación Española de Criadores de Caballos Árabes (AECCA) y subvencionado por el Ministerio de Agricultura, Alimentación y Medio Ambiente (MAGRAMA).

BIBLIOGRAFÍA

1. Gutiérrez JP, Royo LJ, Álvarez I, Goyache F. Molkin v2.0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. Journal of Heredity. 2003; 96: 718-721.
2. Gutiérrez JP, Goyache F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. Journal of Animal Breeding and Genetics. 2005; 122: 172-176.
3. Wright S. Evolution and the genetics of populations: Vol. 4. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press: Chicago. USA. 1978.
4. Nei M. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press, New York, 512 pp. 1987.

5. FAO. Secondary guidelines for the national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk, FAO, Rome, Italy. 1998.
6. Cervantes I, Baumung R, Molina A, Druml T, Gutiérrez JP, Söelkner J, Valera M. Size and shape analysis of morphofunctional traits in the Spanish Arab Horse. Livestock Science. 2009; 125: 43-49.

RECURSOS ELECTRÓNICOS

7. MARM, 2010.http://aplicaciones.magrama.es/arca-webapp/flujo.html?_flowId=razaCaballar-flow&_flowExecutionKey=e6s1

Recibido: 16 marzo 2012.

Aceptado: 16 diciembre 2013.