

NOTABREVE

ESTRUCTURA Y RELACIONES GENÉTICAS DE LA RAZA BOVINA SERRANA DE TERUEL CON RAZAS EXPLOTADAS EN ESPAÑA

STRUCTURE AND GENETIC RELATIONSHIPS BETWEEN SERRANA DE TERUEL BREED AND OTHER CATTLE BREEDS REARED IN SPAIN

Sanz, A.^{1*}, Rodellar, C.¹, Martín-Burriel, I.¹, Sanz, A.², Cons, C.¹, Abril, F.³, Azor, P.J.⁴, Piedrafita, J.⁵, Vijil, E.⁶ y Zaragoza, P.¹

¹Laboratorio de Genética Bioquímica (LAGENBIO). Facultad de Veterinaria. Universidad de Zaragoza. Miguel Servet 177. 50013 Zaragoza. España.

²Unidad de Tecnología en Producción Animal. Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria (CITA). Gobierno de Aragón. Avda. Montañana 930. 50039 Zaragoza. España.

³Diputación Provincial de Teruel (ASERNA). Teruel. España.

⁴Departamento de Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales. Ctra. Madrid-Cádiz, km 396. 14014 Córdoba. España.

⁵Departamento de Ciencia Animal y de los Alimentos. Facultad de Veterinaria. Universidad Autónoma de Barcelona. 08193 Bellaterra. Barcelona. España.

⁶Centro de Transferencia Agroalimentaria. Departamento de Agricultura y Alimentación (CTA). Avda. de Movera, s/n. 50194 Zaragoza. España.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Variabilidad genética. Microsatélites.

ADDITIONAL KEYWORDS

Genetic diversity. Microsatellites.

RESUMEN

En este trabajo se analiza la variabilidad genética de la raza autóctona en peligro de extinción Serrana de Teruel, así como su relación con las razas bovinas explotadas en España: Albera, Pajuna, Avileña-Negra Ibérica, Serrana Negra, Pirenaica y Parda de Montaña. La caracterización genética se ha realizado mediante marcadores microsatélites, todos han resultado polimórficos detectándose un total de 198 alelos con una media de 6,79 alelos por *locus*. Las heterocigosidades observadas y esperadas fueron altas y similares en el equilibrio, con valores de 0,67 y 0,68 respectivamente. A partir del estudio de las relaciones filogenéticas se ha podido observar la cercanía de la raza Serrana de Teruel con las razas de montaña Pirenaica y Parda de Montaña. Mediante el estudio de la estructura genética se observó que el porcentaje de animales correctamente asignados a la Serrana de Teruel para $q \geq 0,8$ fue del 47,5%, apreciándose una clara influencia de la raza Parda de Montaña en los individuos mezclados.

Presentado al Congreso SERGA (2010, Asturias).

SUMMARY

In this work we analyze by microsatellite markers the genetic diversity, structure and relationships of the indigenous endangered Serrana de Teruel cattle breed with different breeds reared in Spain. All loci were polymorphic and a total of 198 alleles were observed across loci, with a mean of 6.79. Observed and expected heterozygosities values shown the high variability of Serrana de Teruel breed with values of 0.67 and 0.68 respectively. The neighbour net based on Reynolds distances shown the close genetic relationship among Serrana de Teruel and the mountain Parda de Montaña and Pirenaica breeds. STRUCTURE results showed a 47.5% of correctly assigned individuals to Serrana de Teruel breed using a $q \geq 0.8$ threshold. The admixed animals shown a clear influence of Parda de Montaña breed.

INTRODUCCIÓN

La raza bovina autóctona Serrana de Teruel, en peligro de extinción, destaca por

su rusticidad. Sus aproximadamente 200 ejemplares se distribuyen principalmente por la comarca de Gúdar-Javalambre en las Sierras de Teruel de la Comunidad Autónoma de Aragón, donde está perfectamente adaptada a las duras condiciones climáticas y orográficas. En este trabajo se analiza la variabilidad, estructura y relaciones genéticas de la raza Serrana de Teruel con las razas Albera, Pajuna, Avileña-Negra Ibérica, Serrana Negra, Pirenaica y Parda de Montaña con objeto de conocer su situación actual, para establecer unos esquemas de selección objetivos en función de los intereses productivos que puedan establecerse en las diversas zonas de explotación y que permitan asegurar la preservación de la diversidad genética existente.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han obtenido muestras de ADN de 80 animales considerados representativos de la raza Serrana de Teruel. Todas las muestras han sido analizadas mediante 30 marcadores microsatélites seleccionados por la FAO para la caracterización de poblaciones bovinas, siguiendo la metodología descrita por Sanz, *et al.* (2007). Además se obtuvieron muestras de ADN para el análisis comparativo de las razas de animales de Albera (80), Pajuna (50), Avileña Negra Ibérica (40), Serrana Negra (52), Pirenaica (50) y Parda de Montaña (50).

Con la información de los distintos genotipos obtenidos de cada animal se obtuvieron las frecuencias alélicas, se analizó el equilibrio Hardy-Weinberg y se calcularon valores de diversidad como son el número

medio de alelos por *locus* (A), la tasa de consanguinidad (FIS) y las heterocigosidades observada (Ho) y esperada (He). La relación genética entre poblaciones se analizó mediante el cálculo de la distancia de Reynolds (Reynolds *et al.* 1983) y se representa mediante la red obtenida con el programa SplitsTree (Huson y Bryant 2006) utilizando la metodología Neighbor-Net (Bryant y Moulton 2004).

El estudio de la estructura de la población Serrana de Teruel y la asignación de individuos se llevó a cabo utilizando el programa STRUCTURE (Pritchard *et al.* 2000). Para cada K ($1 \leq K \leq 9$) se realizaron 10 repeticiones utilizando un periodo de quemado de 100 000 iteraciones y otras 1 000 000 en el método MCMC (Monte Carlo de cadenas de Markov) antes de recopilar resultados. Se utilizó el modelo de mezcla de poblaciones con frecuencias alélicas correlacionadas entre poblaciones.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Todos los microsatélites utilizados han resultado polimórficos. El número de alelos por *locus* oscila entre 2 (ILSTS005) y 10 (TGLA122), con un número medio de alelos por *locus* de 6,79. El análisis del equilibrio genético Hardy-Weinberg mostró que todos los *loci* estaban en equilibrio excepto el INRA35, probablemente por la presencia de alelos nulos no detectables.

En general se ha observado una elevada variabilidad y un bajo coeficiente de consanguinidad estimado a partir del valor de FIS (**tabla 1**).

La red obtenida a partir de las distancias genéticas de Reynolds muestra una forma estrellada, apreciándose la relación de la raza Serrana de Teruel con las razas de montaña Parda de Montaña y Pirenaica (Martin-Burriel *et al.*, 2007; Sanz *et al.*, 2007) (**figura 1**).

El análisis de la estructura genética mostró que el número de poblaciones más probable era 6 (**figura 2**). Para K=6 la pro-

Tabla 1. Valores de variabilidad genética en la población Serrana de Teruel utilizando 30 marcadores microsatélites. (Genetic variability values for Serrana de Teruel breed using 30 microsatellites).

He(SD)	Ho(SD)	FIS
0.68(0.02)	0.67(0.01)	0.039

ESTRUCTURA DE LA RAZA BOVINA SERRANA DE TERUEL

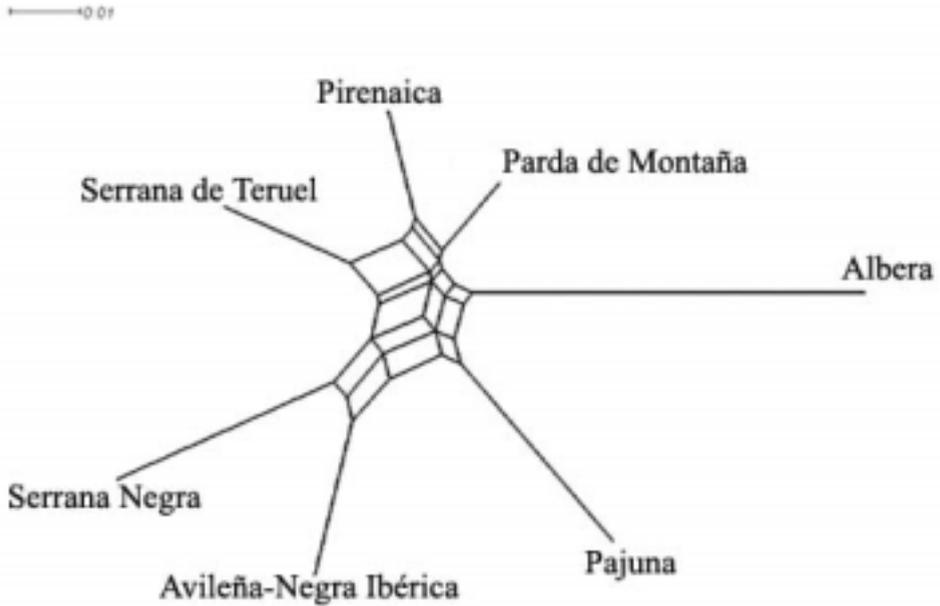


Figura 1. NeighborNet basada en las distancias de Reynolds. (NeighborNet based on Reynolds distances).

porción de individuos asignados correctamente a la Serrana de Teruel fue del 47,5% para $q > 0,8$ correspondiendo básicamente con los individuos representados por barras más oscuras en la **figura 2-B**. En el grupo de individuos más heterogéneos se

aprecia una clara influencia de la raza Parda de Montaña, lo que concuerda con la información histórica de la raza. Los análisis de asignación son útiles para la identificación de animales representativos del perfil genético de la raza, que pueden ser utilizados en

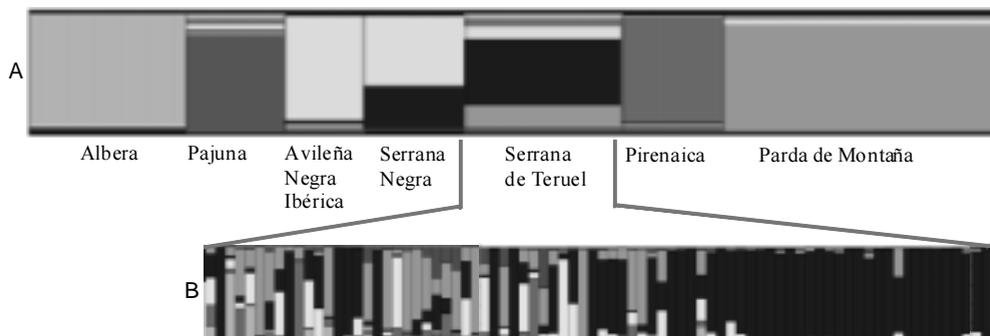


Figura 2. Estructura genética de poblaciones y asignación de individuos de Serrana de Teruel. A: Valores medios de Q por población. B: Valores de q para individuos de Serrana de Teruel. (Genetic structure of 7 Spanish cattle breeds. A: Q values per population. B: Individuals q values).

programas de selección y conservación de la raza.

potenciar la diversidad de la raza y por tanto a su conservación.

CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos indican la riqueza genética de la Serrana de Teruel, diversidad a la que han podido contribuir los cruces conocidos de este bovino con otras poblaciones a lo largo de su historia. Estos resultados pueden contribuir al establecimiento de actuaciones que contribuyan de forma efectiva a preservar y

AGRADECIMIENTOS

Financiado con el proyecto PET2007-05-C03-01 (Caracterización zootécnica, genética y calidad de la canal y de la carne de la población bovina Serrana de Teruel) y RZ2006-00003-C02-02 (Caracterización morfogénica y criopreservación del germoplasma de la Serrana de Teruel, población bovina en peligro de extinción).

BIBLIOGRAFÍA

- Bryant, D. and Moulton, V. 2004. Neighbour-net: an agglomerative method for the construction of phylogenetic networks. *Mol. Biol. Evol.*, 21: 255-265.
- Huson, D.H. and Bryant, D. 2006. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Mol. Biol. Evol.*, 23: 254-267.
- Martin-Burriel, I., Rodellar, C., Lenstra, J.A., Sanz, A., Cons, C., Osta, R., Reta, M., De Arguello, S. and Zaragoza, P. 2007. Genetic diversity and relationships of endangered Spanish cattle breeds. *J. Hered.*, 98: 687-691.
- Pritchard, J.K., Stephens, M. and Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959.
- Reynolds, J., Weir, B.S. and Cockerham, C.C. 1983. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics*, 105: 767-779.
- Sanz, A., Martín-Burriel, I., Rodellar, C., Osta, R., Sanz, A., Abril, F. y Zaragoza, P. 2007. Caracterización genética de la población bovina Serrana Negra de Teruel. *Arch. Zootec.*, 56: 461-465.