

RELACIONES GENÉTICAS ENTRE GANADERÍAS DE LIDIA EN FUNCIÓN DE SU ORIGEN

GENETIC RELATIONSHIPS AMONG FIGHTING-BULL BREEDERS BY THEIR HISTORIC ORIGIN

Cañón, J. *¹, J. Fernández², M.A. García-Atance¹, I. Tupac-Yupanqui¹, O. Cortés¹, D. García¹ y S. Dunner¹

¹Laboratorio de Genética. Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. UCM. 28071 Madrid. España. *Autor correspondencia: jcanon@vet.ucm.es

²Unión de Criadores de Toros de Lidia. Paseo de Eduardo Dato, 7. 28010 Madrid. España.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Microsatélites. Raza de Lidia.

ADDITIONAL KEYWORDS

Microsatellites. Fighting-bull breed.

RESUMEN

Se relaciona la información histórica que existe del origen de las actuales ganaderías de la Unión de Criadores de Toros de Lidia y la información genética que se obtiene utilizando marcadores del tipo microsatélite ubicados en autosomas. Se estima el número de grupos genéticos que tiene mayor soporte estadístico con la información disponible, 1640 animales pertenecientes a 77 ganaderías y 24 microsatélites con 234 variantes alélicas. Utilizando los porcentajes de genoma que comparten los diferentes grupos genéticos calculados mediante un modelo que considera el número de grupos genéticos más verosímil, se calcula la distancia genética entre las parejas de ganaderías y se representan mediante un algoritmo neighbor-joining. Se discute la posición que ocupan en el árbol los principales grupos de ganaderías.

SUMMARY

A link is established between the historical origin of the current breeding brands from the

Fighting-bull Breeders Association and the genetic information obtained from autosomal microsatellite markers. The most likely number of genetic clusters is estimated using 1640 animals from 77 breeders, genotyped for 24 microsatellites with a total of 234 allelic variants. The average proportions of genome originated in each of these clusters is obtained for each breeding brand and used to calculate a pairwise genetic distance between brands. The distances are used to build a tree with a neighbor-joining algorithm, and the position of the main breeding groups in the tree is discussed.

INTRODUCCIÓN

La conservación de los recursos genéticos animales implica la asignación del correcto *estatus taxonómico* a las diferentes poblaciones y, aunque esto pudiera no parecer excesivamente problemático cuando se trata de especies, resulta de gran complejidad

en el caso de razas de una especie, sobre todo cuando del estatus asignado depende la prioridad para la asignación de recursos. Recientemente se ha propuesto la utilización del concepto de posibilidad de intercambio o de canje (exchangeability, en su terminología inglesa) para clasificar a las poblaciones que pueden constituir una especie (Crandall *et al.*, 2000). En este sentido las poblaciones se clasificarían en función, por un lado del grado de intercambio genético y ecológico, y por otro si este intercambio se ha producido recientemente o históricamente. El objetivo del trabajo ha sido tratar de establecer el número de grupos genéticos presentes en el conjunto de ganaderías analizadas y relacionarlas en función de la probabilidad de pertenencia a cada uno de esos grupos genéticos.

MATERIAL Y MÉTODOS

El número de animales analizados por ganadería, así como los marcadores utilizados han sido descritos previamente (Cañón *et al.*, 2006).

El método de análisis se basó en la consideración de un determinado modelo, que depende de una serie de parámetros y cuyos valores son obtenidos utilizando procedimientos estadísticos estándar (Pritchard *et al.*, 2000). Estos métodos no supervisados permiten agrupar a los animales de tal forma que a cada uno le asigna los coeficientes de pertenencia (probabilidades) a cada uno de esos grupos genéticos. Este coeficiente corresponde al porcentaje de genoma del animal que tiene su origen en un determinado

e hipotético grupo genético. En el método de análisis utilizado tenemos que definir previamente el número de grupos genéticos y suponemos que existe una relación entre las frecuencias de los genes de cada uno de ellos. Esta última suposición implica que aceptamos que los grupos genéticos representan a poblaciones (familias, líneas, encastes...) que se han originado a partir de una misma población ancestral por deriva genética, es decir, que se han ido separando genéticamente como consecuencia del aislamiento reproductivo entre ellas, y a una velocidad que depende del número de reproductores en cada población. En cada análisis obtenemos un valor de credibilidad del modelo, por lo que podemos tener una idea del número de grupos genéticos que nos proporciona la mayor credibilidad.

Posteriormente, para el K más verosímil y utilizando las probabilidades de pertenencia a cada uno de los K grupos genéticos de cada una de las ganaderías, calculamos las distancias genéticas por pares mediante la expresión (Cañón *et al.*, 2006):

$$d_s(i, j) := \sum_{k=1}^K |q_k(i) - q_k(j)| \frac{q_k(i) + q_k(j)}{2}$$

Siendo $q_k(i)$ la probabilidad q de que la ganadería i pertenezca al grupo genético k .

Una ventaja de esta medida de distancia genética es que incorpora la información completa del conjunto de datos analizados.

Este número de grupos genéticos, que manifiesta el mayor soporte estadístico de los datos utilizados, tiene una compleja interpretación. De hecho, los grupos genéticos no tienen porqué co-

RELACIONES GENÉTICAS ENTRE GANADERÍAS DE LIDIA

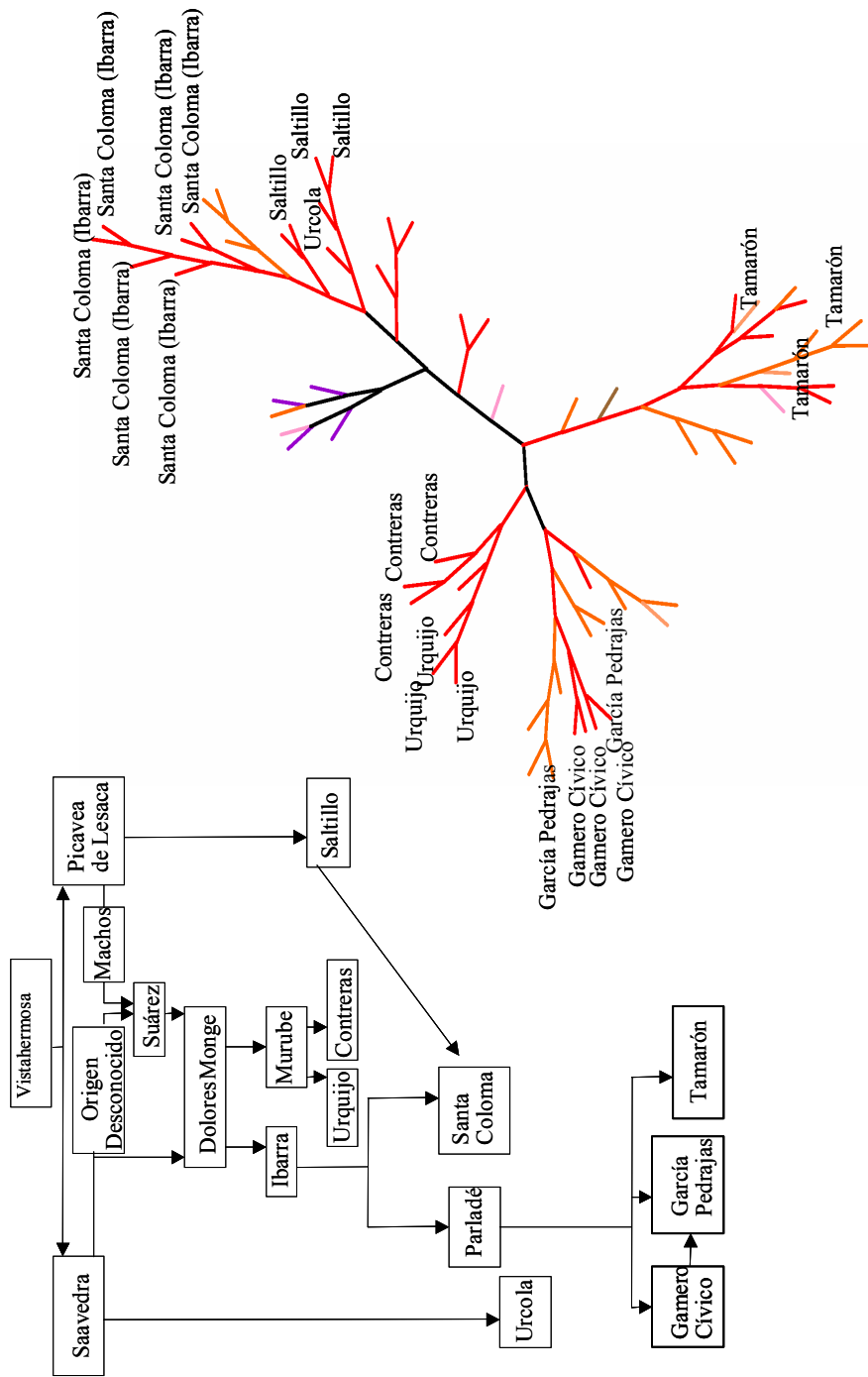


Figura 1a. Representación mediante el algoritmo de neighbor-joining de las distancias genéticas entre ganaderías. (Neighbor-joining net using the pairwise genetic distances among the breeders).

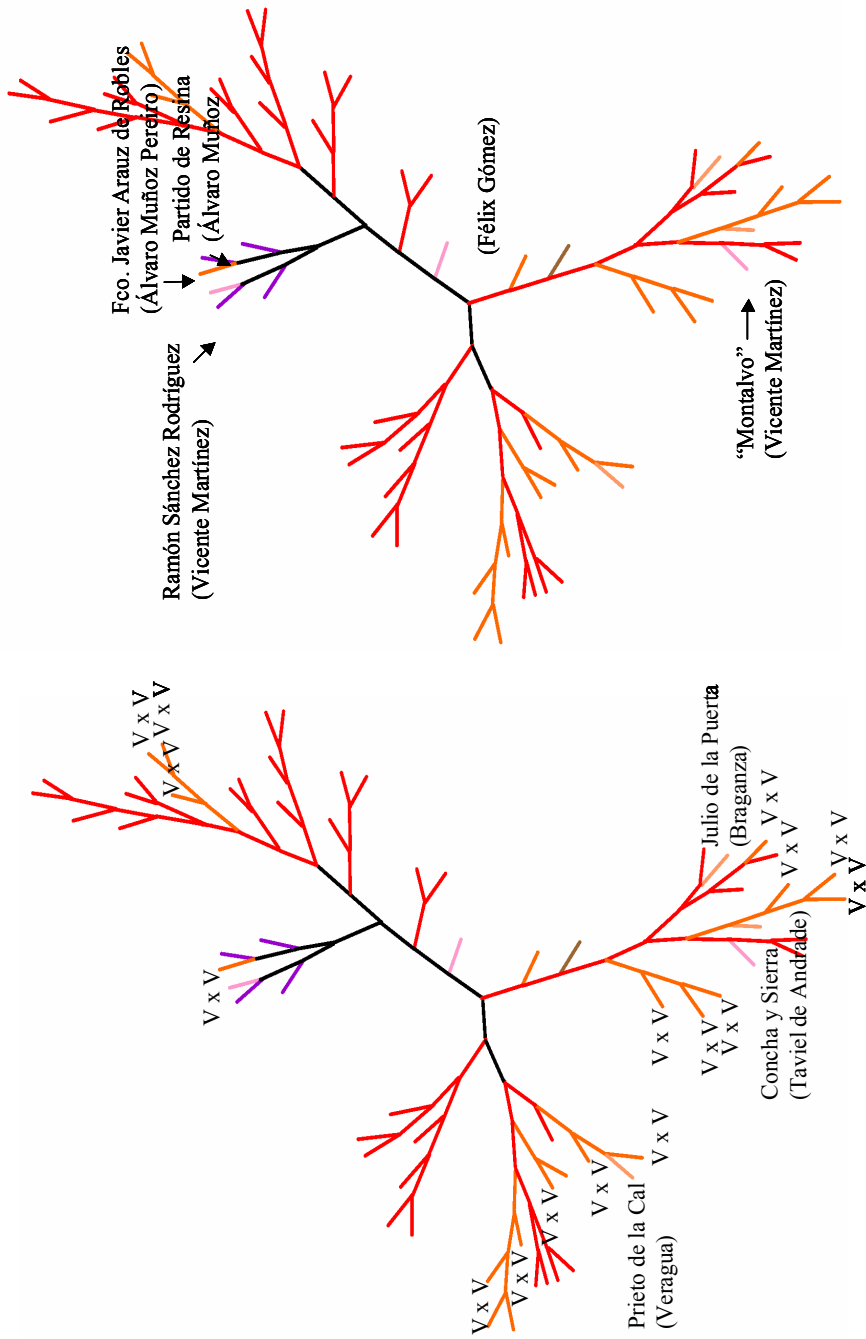


Figura 1b y c. Representación mediante el algoritmo de neighbor-joining de las distancias genéticas entre ganaderías. (Neighbor-joining net using the pairwise genetic distances among the breeders).

RELACIONES GENÉTICAS ENTRE GANADERÍAS DE LIDIA

responderse con poblaciones reales. Si embargo, resulta de gran interés tener un criterio para predecir cual puede ser el modelo de grupos genéticos más apropiado para interpretar los datos. En nuestro caso el número de grupos genéticos con mayor soporte fue 31, y utilizando este modelo de agrupación calculamos la distancia genética entre las diferentes ganaderías, por parejas, a partir de las diferencias en las proporciones de genoma que tiene asignada cada ganadería a cada uno de los grupos genéticos. Este cálculo nos proporciona una matriz en la que aparecen las distancias entre cada pareja de ganaderías que puede ser representada mediante un algoritmo adecuado, en este caso hemos utilizado el de neighbor-joining implementado en el programa SplitsTree de Huson and Bryant (2006). Podemos, a continuación, analizar en que posición se sitúan las diferentes ganaderías en función de las castas fundacionales de origen.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la **figura 1a** representamos dos tipos de información en relación con las ganaderías de origen Vistahermosa: por un lado la filogenia basada en los datos históricos existentes en la UCTL (parte izquierda de la figura) y por otro la posición de las ganaderías en el árbol de relaciones genéticas. Es interesante señalar dos hechos: que este origen está presente en todas las ramas principales del árbol de relaciones genéticas; y la estrecha correlación que puede observarse entre la génesis de las ganaderías y las relaciones ge-

néticas entre ellas reflejadas en el árbol. Las ganaderías de origen "Saltillo" (Picavea de Lesaca) y "Urcola" (Saavedra) separadas desde 1823, aparecen muy próximas. La rama de Dña. Dolores Monge (1863-1884), aunque tiene origen "Saavedra" y "Picavea de Lesaca" vía machos, es mucho más prolífica y se dispersa por tres ramas. En 1884 se separan la rama "Murube" (D. Joaquín Murube y su viuda) y la que daría lugar a la de D. Eduardo Ibarra, vía D. Felipe Murube. De la primera rama, en 1907 se separa D. Juan Contreras y Dña. Tomasa Escribano vende la ganadería a la familia Urquijo (Dña. Carmen de Federico). Conde de Santa Coloma adquirió reproductores al Marqués de Saltillo, pero las ganaderías que se representan, son las que tienen más origen de D. Eduardo Ibarra, dentro de las ganaderías derivadas del Conde de Santa Coloma. Curiosamente, estas ganaderías en vez de acercarse al resto de ganaderías de origen Fernando Parladé, se alejan al otro extremo del árbol.

Las ganaderías de origen Vázquez, cuya posición aparece en la **figura 1b**, se ubican en la misma zona que las ganaderías derivadas de D. Fernando Parladé (Vistahermosa); tanto las más puras, como las de origen Vistahermosa con algo de "Vázquez" (en total 20 ramas, 28 ganaderías). Esto se puede deber a cruzamientos posteriores con ganaderías de origen Vistahermosa o a que D. Vicente José Vázquez incorpora ganado del Conde de Vistahermosa a partir de 1790, en el que puede haber elementos comunes.

Como cruce con Jijón, que aparecen en la **figura 1c**, hemos considerado principalmente las ganaderías de D.

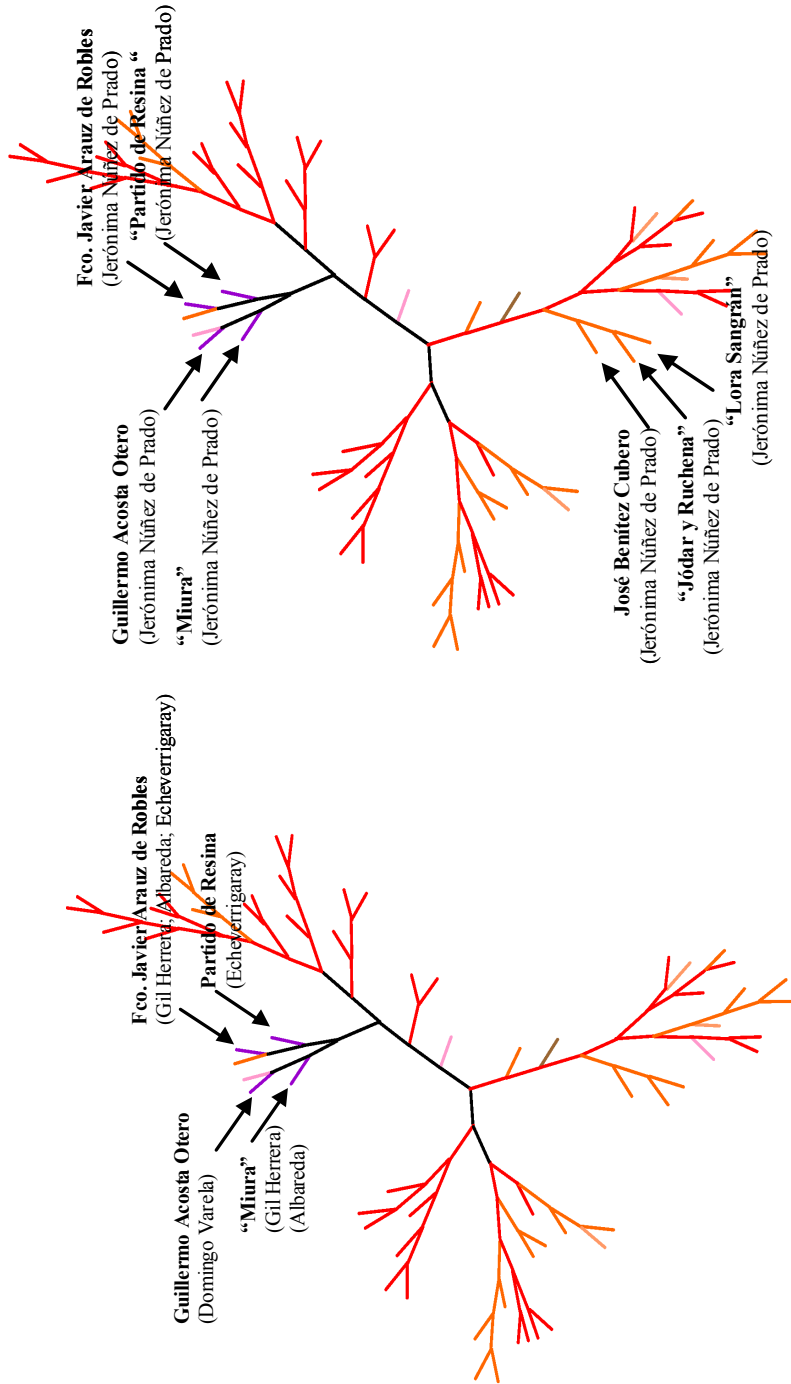


Figura 1d y e. Representación mediante el algoritmo de neighbor-joining de las distancias genéticas entre ganaderías. (Neighbor-joining net using the pairwise genetic distances among the breeders).

RELACIONES GENÉTICAS ENTRE GANADERÍAS DE LIDIA

Mariano Sanz Jiménez, "Montalvo" y la de D. Ramón Sánchez Rodríguez, por tener una importante aportación de ganado de origen Jijón vía madre.

Las ganaderías de "Partido de Resina" y de D. Francisco Javier Arauz de Robles tienen, en nuestra opinión, menor porcentaje de origen Jijón, ya que las madres que conformaron la ganadería tienen origen muy heterogéneo. Estas dos ganaderías aparecen más próximas entre sí porque hay otros elementos comunes que veremos en el análisis individual de cada ganadería. No hay, por tanto, una zona del mapa donde se concentre el origen Jijón, al aparecer las ganaderías con dicho cruce próximas a las ganaderías con las que han sido cruzadas.

Las ganaderías de D. Guillermo Acosta Otero, "Miura", D. Francisco Javier Arauz de Robles y "Partido de Resina", que coinciden en su origen Gallardo, aparecen próximas en una misma rama del árbol (**figura 1d**), aunque tengan procedencias distintas de origen "Gallardo". Debemos recordar que la casta fundacional "Gallardo" se forma por cruce efectuado a partir de 1762 con reses de origen Navarro y reses "fraileras" del Convento de San Jacinto de Sevilla; de origen común estas últimas a las de la "Casta Cabrera" a través de la Cartuja de Jerez de la Frontera.

Finalmente (**figura 1e**), las ganaderías que tienen origen "Cabrera" descienden todas de la ganadería de Dña. Jerónima Núñez de Prado, hermana de la Viuda de D. José Rafael Cabrera. Las ganaderías de D. José Benítez Cubero, "Jódar y Ruchena" y "Lora Sangrán", tienen en común el origen "Benítez Cubero" y por ello aparecen juntas y distanciadas de las otras 4 ganaderías, probablemente porque el ganado que adquiere D. José Benítez Cubero estaba cruzado con 5 sementales de la Marquesa Viuda de Tamarón. Se acercan, por tanto, a la ubicación de las ganaderías de origen Marquesa Viuda de Tamarón. La ganadería de D. Guillermo Acosta Otero, que tiene en su origen vacas de D. José Benítez Cubero (no machos), tiene aportaciones de origen "Gallardo" que no tienen las otras 3 ganaderías de igual procedencia. Las ganaderías de "Miura", D. Francisco Javier Arauz de Robles y "Partido de Resina" tienen en común el origen "Cabrera" y "Gallardo".

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado 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

- Cañón, J., D. García, M.A. García-Atance, G. Obexer-Ruff, J.A. Lenstra, P. Ajmone-Marsan, S. Dunner and the ECONOGENE Consortium. 2006. Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. *Anim. Genet.*, 37: 327-334.
- Cañón, J., O. Cortés, D. García, M.A. García-Atance y S. Dunner. 2006. Distribución de la variabilidad genética en la raza de Lidia. V *Congreso Ibérico sobre Recursos Genéticos*

CAÑÓN ET AL.

- cos Animales*. La Palma, 4-11 de octubre.
- Crandall, K.A., O.R.P. Bininda-Emonds, G.M. Mace and R.K. Wayne. 2000. Considering evolutionary processes in conservation biology. *Tree*, 15: 290-295.
- Huson, D.H. and D. Bryant. 2006. Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Mol. Biol. Evol.*, 23: 254-267.
- Pritchard J.K., M. Stephens and P. Donnelly. 2000. Inference of population structure from multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-59.