



ASOCIACION DE CRIADORES DE LA
RAZA OVINA MERINA DE GRAZALEMA AMEGRA
C/ARGÜELLES, S/N
11611 VILLALUENGA DEL ROSARIO (CADIZ)

ANÁLISIS DE LA SITUACIÓN Y EVOLUCIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE LA RAZA MERINA DE GRAZALEMA A PARTIR DE LA INFORMACIÓN MOLECULAR

***INFORME DEL GRUPO DE INVESTIGACIÓN MERAGEM (PAI AGR-158),
RESPONSABLE DEL ESQUEMA DE CONSERVACIÓN-MEJORA DEL
PROGRAMA DE CRÍA***



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA

Córdoba, OCTUBRE 2021







En el programa de cría de la raza se incluye la necesidad de monitorizar de forma periódica la situación de variabilidad genética de la raza para detectar posibles cuellos de botella genéticos que puedan poner en peligro la supervivencia de la raza o que determinen la aparición de las manifestaciones de la depresión consanguínea en los fenotipos de los individuos más consanguíneos.

En anteriores campañas se evaluó la situación de esta variabilidad a partir de la información genealógica (coeficiente de consanguinidad, parentesco y *Average Relatedness*), llegando a la conclusión que si bien la situación de la variabilidad no era preocupante, habiendo asistido a una disminución despreciable en la última década, si se detectaban algunas ganaderías concretas, que debido al aislamiento reproductivo, habían incrementado su nivel de emparentamiento entre los reproductores de forma preocupante. Dado que los estudios genealógicos tienen el inconveniente de ser muy dependientes de la profundidad del pedigrí, y que en algunas de estas ganaderías sigue existiendo un porcentaje de animales en el registro auxiliar elevado (sin genealógica conocida suficiente), se consideró necesario realizar la monitorización de la situación y la evolución reciente otras metodologías genéticas independientes de esta profundidad del pedigrí.

Así durante esta campaña se ha realizado un análisis genético de la variabilidad mediante un panel de marcadores moleculares neutros (microsatélites) para conocer la situación genética actual y la evolución de la variabilidad genética en la última década.

ANÁLISIS DE LA SITUACIÓN GENÉTICA DE LA RAZA MEDIANTE UN PANEL DE MARCADORES MOLECULARES MICROSATÉLITES

Para ello se han analizado el perfil de 10683 animales genotipados (pertenecientes a 41 explotaciones) nacidos desde el 2010 al 2021.

Se utilizaron los datos de 19 marcadores de tipo microsatélite aprobados y recomendados por la FAO por su alto contenido de información polimórfica para la especie ovina.

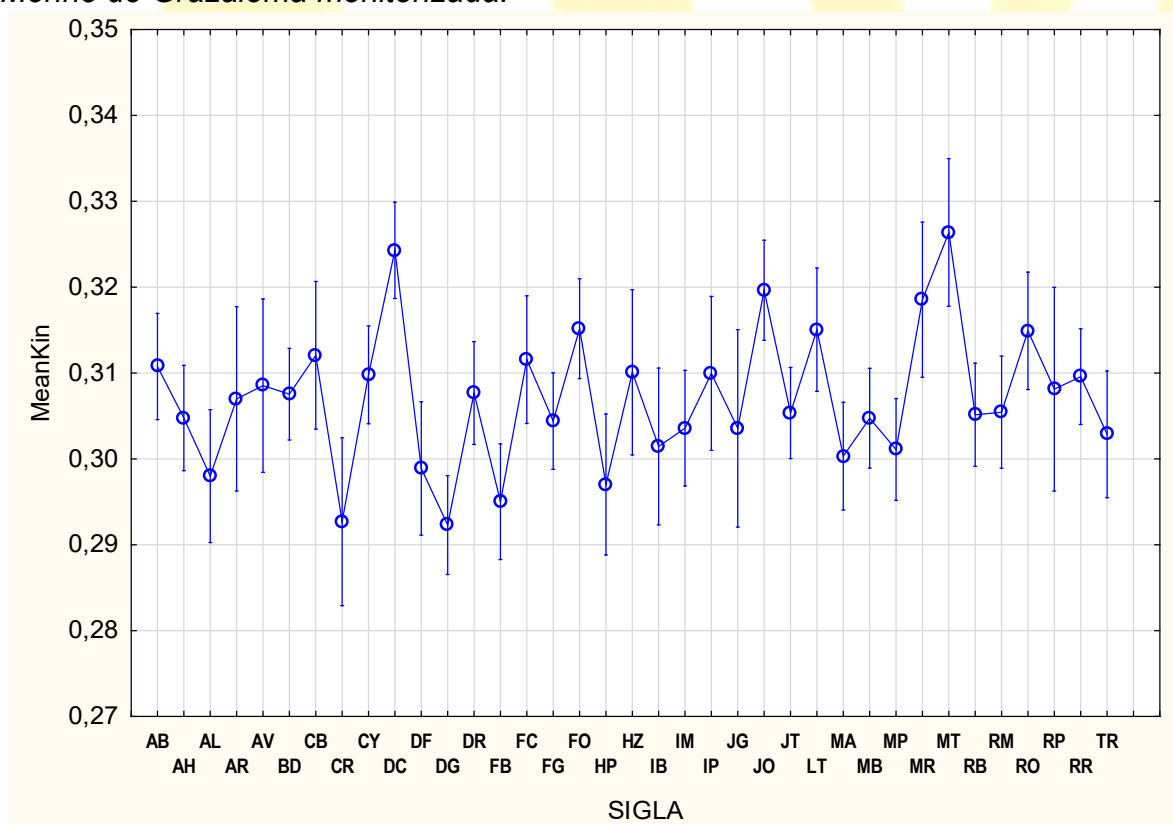
El análisis de estos datos ha permitido conocer la situación de la variabilidad genética real de esta población. Si bien se confirma la situación de escaso riesgo detectada a nivel genealógico (con un nivel de parentesco entre los animales muy inferior al de la década anterior, a pesar del leve incremento en los últimos años), se ha detectado la existencia de determinadas ganaderías cuyo perfil se está diferenciado del resto de la población de forma evidente, lo que puede dar lugar en el futuro a la existencia de subpoblaciones diferenciadas en la raza. Nuestros resultados permiten también establecer las ganaderías de las que se puede adquirir

genética si se quiere disminuir el grado de emparentamiento de los reproductores, o de aquellas otras en las que se puede refrescar sangre con una mínima modificación del perfil genético actual.

Nivel de variabilidad genética en la población global

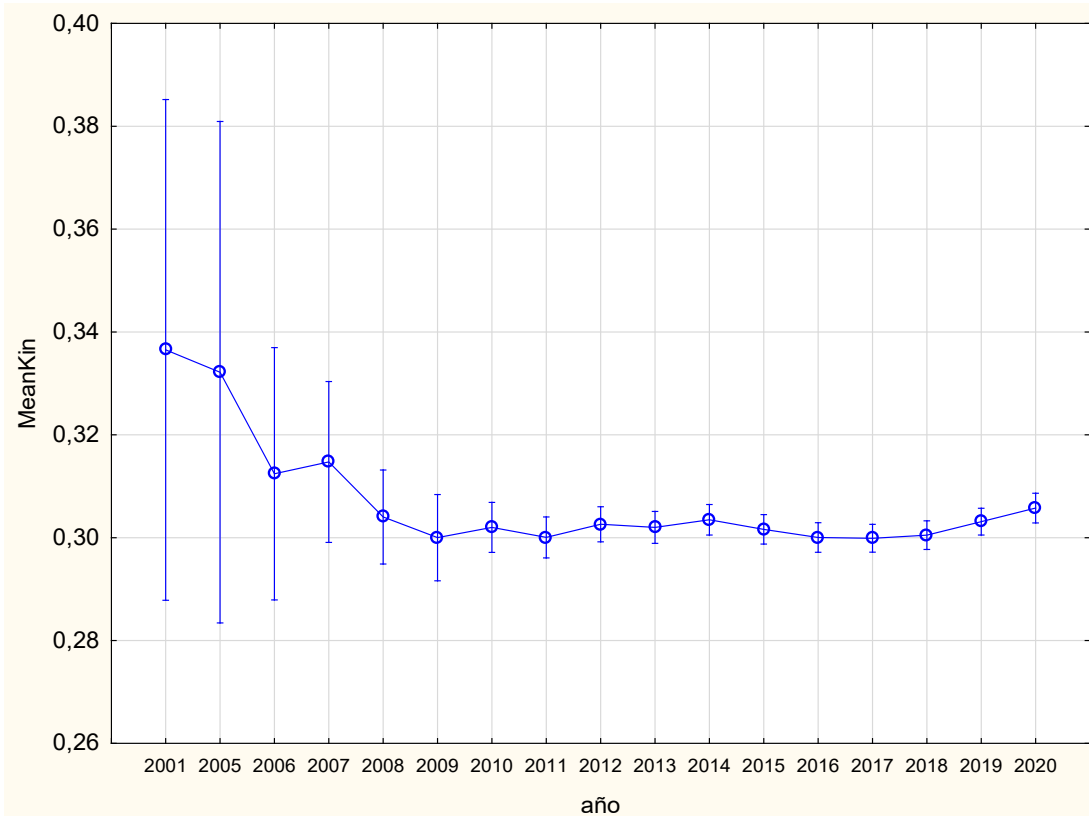
El nivel de variabilidad en la población global, estimado mediante el grado de parentesco molecular (kinship) entre los reproductores (determina el grado de consanguinidad de las crías), se puede observar en la figura nº 1. En esta se puede observar como globalmente la situación no es preocupante, si bien existen ganaderías con niveles claramente más elevados, y donde será necesario realizar un análisis más profundo de los criterios de selección de los reproductores a aparear para limitar el incremento de la consanguinidad en la siguiente generación. De la misma forma se puede observar un elevado grado de variabilidad intraganadería, lo que posibilita la selección de aquellos reproductores menos emparentados si queremos limitar la consanguinidad de las crías.

Figura 1. Parentesco molecular entre los reproductores de cada ganadería de Merino de Grazalema monitorizada.



El análisis de la evolución de este parentesco promedio en la última década (Figura 2), permite evidenciar la disminución que ha existido en este periodo, con un leve incremento en los últimos tres años.

Figura 2. Evolución en la última década del parentesco molecular entre reproductores en la raza Merina de Grazalema.

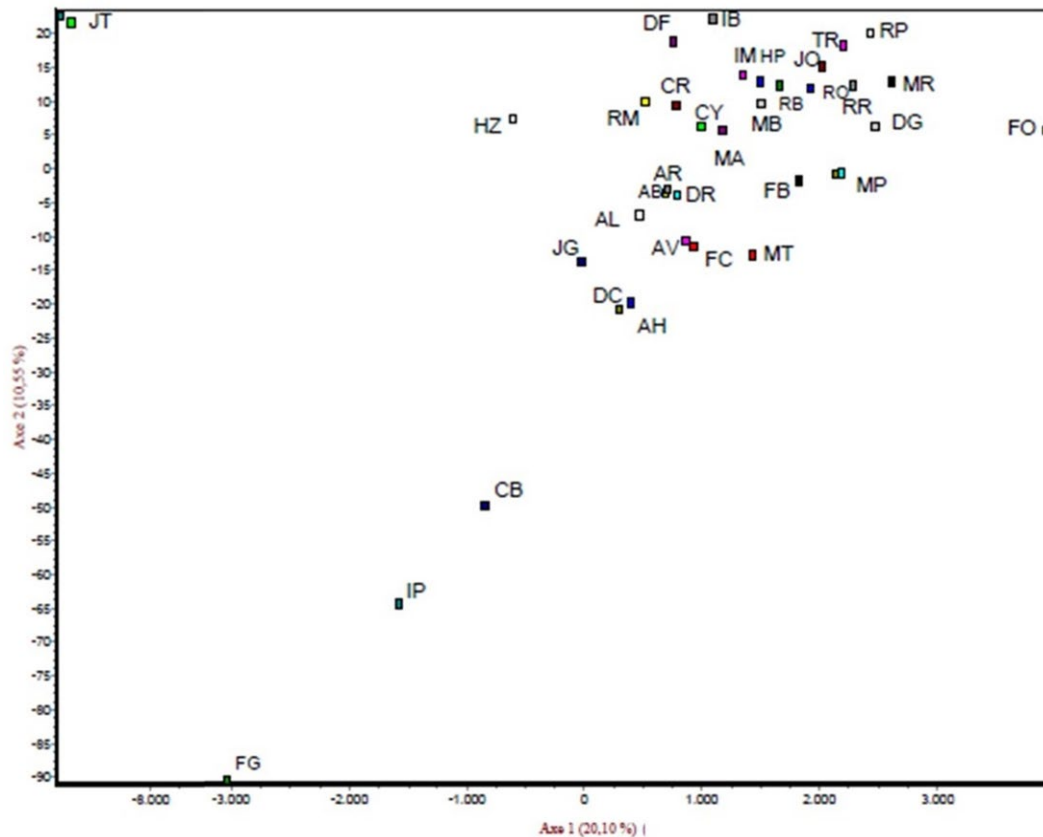


Análisis del grado de diferenciación genética de la población Merina de Grazalema.

En la figura 3 se presenta una nube de distribución del perfil genético promedio (*análisis factorial de correspondencias AFC*) de las diferentes explotaciones analizadas.

En esta se puede observar la existencia de un 'núcleo principal' bastante homogéneo (perfil genético parecido), pero con algunas ganaderías claramente diferenciadas (IP, CB y sobre todo JT y FG). Esta situación, si bien aporta variabilidad a la raza, debe ser monitorizada para evitar que se consolide a lo largo de los años, dando lugar a la existencia de subpoblaciones claramente diferenciadas dentro de la raza.

Figura 3. Distribución de las ganaderías analizadas en función de su perfil genético

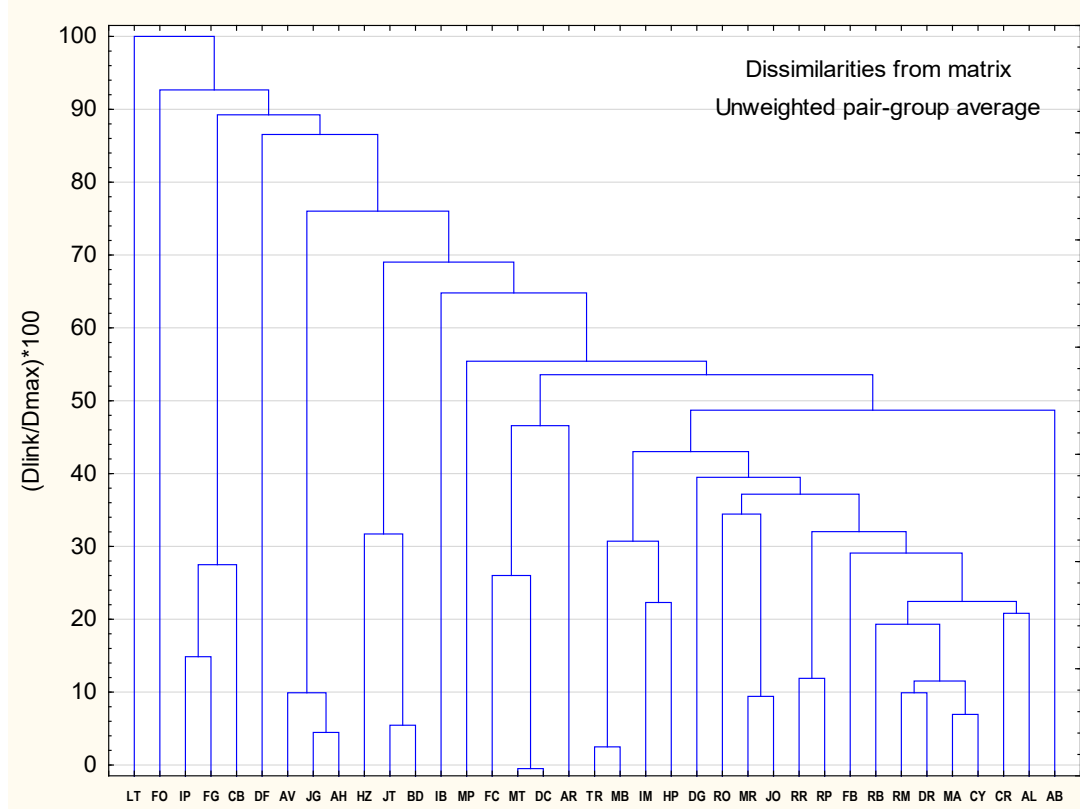


Se recomienda en este caso, realizar un análisis más profundo de las causas que están determinando esta diferenciación y del grado de parentesco de dichas ganaderías y en su caso recomendar medidas que corrijan esta situación (intercambio de reproductores con determinadas ganaderías del núcleo principal).

Este estudio se completó con un análisis cluster de agrupamiento de las ganaderías en función de su mayor o menor similitud genética. En la figura 4 se presenta el agrupamiento en función de la distancia genética entre dichas explotaciones.

En esta figura se puede observar la existencia de ganaderías con una elevada similitud genética, junto a otras con un grado de diferenciación muy superior. Esta información presenta una doble utilidad para la toma de decisiones en la gestión genética de la población ya que permite determinar que ganaderías por su proximidad genética no deben intercambiar reproductores si el objetivo es disminuir la consanguinidad en la explotación, y cuales por su menor grado de diferenciación permiten intercambiar reproductores sin que haya una modificación del perfil genético (en el caso de que la endogamia no sea un problema a resolver).

Figura 4. Cluster de diferenciación genética de las ganaderías Merinas de Grazalema en base a su perfil genético



PRINCIPALES CONCLUSIONES DEL ESTUDIO

El objetivo del estudio ha sido contrastar la situación de variabilidad genética y el grado de diferenciación genética entre las ganaderías de la raza ovina Merina de Grazalema utilizando para ello el análisis genético de un panel de marcadores microsatélites.

Los diferentes análisis realizados demuestran que

1) no existe una estructuración de esta raza en subpoblaciones, existiendo no obstante ganaderías con cierto nivel de aislamiento del núcleo principal de la población.

2) La existencia de ganaderías con un alto grado de emparentamiento entre los reproductores y el ligero incremento de este parámetro en la población global en los últimos tres años, confirma que se deba monitorizar de forma periódica la situación genética de la raza, y en su caso tomar las medidas correctoras adecuadas (introducción de animales de otras explotaciones, realizar monta dirigida ...).

3) El análisis de la distancia genética entre explotaciones puede ser una herramienta muy útil a la hora de buscar reproductores de reposición para aquellas ganaderías con niveles peligrosos de consanguinidad (o bien de aquellos más próximos genéticamente en el caso de querer mantener una estructura genética lo más parecida posible a la actual).

