

**ESTUDIO DE LA ESTRUCTURA GENETICA
DE UNA POBLACION OVINA DE RAZA CHURRA
PARA ALGUNOS POLIMORFISMOS SANGUINEOS**

**(STUDY OF THE GENETIC STRUCTURE OF
A POPULATION OF CHURRA SHEEP FOR SOME
BLOOD POLIMORPHISMS)**

*Por Y. Bayón, **
*J.J. Arranz, **
*y F. San Primitivo **

Palabras clave: oveja, sangre, polimorfismos bioquímicos.
Key words: sheep, blood, biochemical polimorphisms.

SUMMARY

The genetic variability of a population of Churra sheep with 255 animals is estimated through the electrophoretic analysis of the following genetic blood systems: haemoglobin, malic enzyme, NADH-diaphorase, nucleoside phosphorylase, carbonic anhydrase, transferrin, albumin and arylesterase.

All the studied loci showed polimorphism. No significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium was found. The values obtained of the heterozygosity per locus were variable and the heterozygosis average calculated was $H = 0,350 \pm 0,069$.

RESUMEN

Se realiza una estimación de la variabilidad genética de una población ovina de raza Churra compuesta por 255 animales mediante el análisis electroforético de los siguientes sistemas genéticos sanguíneos: hemoglobina, enzima málico, NADH- diaforasa, purina nucleósido fosforilasa, anhidrasa carbónica, transferrina, albúmina y arilesterasa.

* Dpto. Producción Animal. Universidad de León.

An. Fac. Vet. León. 1990, 36, 17-21

Todos los loci analizados resultaron polimórficos. No se encontró desviación significativa de la población del equilibrio Hardy-Weinberg. Los valores obtenidos de la heterocigosis por locus fueron variables, resultando una tasa de heterocigosis media en la población $H = 0,350 \pm 0,069$.

INTRODUCCION

El análisis de los marcadores genéticos sanguíneos constituye un sistema apropiado que permite la caracterización genética de una población.

Los estudios de este tipo precisan un número elevado de individuos y de marcadores genéticos, de forma que la estimación de la variabilidad genética global de una población es más exacta cuanto mayor sean ambos.

En este artículo se realiza una estimación de la variabilidad genética del ganado ovino de raza Churra mediante el análisis de 255 animales, en base a ocho polimorfismos proteicos sanguíneos que muestran variabilidad.

MATERIAL Y METODOS

Se estudió un total de 255 animales pertenecientes a la raza Churra de ganado ovino, correspondientes a dos generaciones sucesivas, constituidas por 154 animales en la generación paterna (61 machos y 93 hembras) y 101 individuos en la generación filial.

Estos animales corresponden a 17 rebaños localizados en la cuenca del Duero, núcleo principal del ganado Churro, en las provincias de León, Palencia, Segovia y Valladolid. Los animales están incluidos en la Asociación Nacional de Criadores de Ganado Ovino Selecto de raza Churra (ANCHE) y en el libro genealógico de la raza, constituyendo un muestreo bastante representativo de la misma.

Se analizaron mediante electroforesis horizontal sobre gel de almidón ocho sistemas genéticos. Los sistemas eritrocitarios estudiados fueron: hemoglobina (Hb), enzima málico (ME), NADH-diaforasa (Dia), purina nucleósido fosforilasa (NP) y anhidrasa carbónica (CA). Los marcadores plasmáticos estudiados fueron: transferrina (Tf), Albúmina (Al) y arilesterasa (Es). La identificación se realizó siguiendo las técnicas específicas de cada uno de ellos que se indican a continuación, contrastando las variantes con patrones reconocidos internacionalmente (ISAG Comparison test 1989/90): Hb y ME (Baker y Manwell¹; Yaman y Tucker¹⁰), Dia (Tucker y Crowley⁷), NP (Tucker y Young⁸), Ca y Es (Tucker *et al.*⁹), Tf (Rasmusen y Tucker⁵), Al (Krishnamurthy *et al.*²).

Se calcularon las frecuencias génicas para los loci analizados, asumiendo equilibrio Hardy-Weinberg en el caso de los loci que presentan herencia dominante. Se realizaron pruebas X^2 de homogeneidad y de equilibrio para cada uno de los loci codominantes, con objeto de comprobar si las generaciones paterna y filial podían ser estudiadas conjuntamente y si la población se encontraba en equilibrio genético.

Se realizó la estimación de la tasa de heterocigosis por locus y la heterocigosis media a partir de la metodología de Nei y Roychoudhury³.

RESULTADOS Y DISCUSION

En la tabla 1 se presentan las frecuencias génicas estimadas para los ocho loci en la generación paterna (se muestran por separado las frecuencias en machos y hembras), en la generación filial y para la población conjunta.

TABLA 1
Frecuencias génicas en las poblaciones paterna, filial y conjunta. Valores de heterocigosis (h, H).

LOCUS	ALELO	FREC. GENICA PADRES	FREC. GENICA MADRES	FREC. GENICA HIJOS	FREC. GENICA CONJUNTA	h (n = 255)
Hb	Hb ^A	0,197	0,183	0,168	0,180	0,295
	Hb ^B	0,803	0,817	0,832	0,820	
ME	ME ^F	0,675	0,618	0,604	0,625	0,468
	ME ^S	0,325	0,382	0,396	0,375	
Dia	Dia ^F	0,700	0,651	0,683	0,675	0,439
	Dia ^S	0,300	0,349	0,317	0,325	
CA	CA ^F	0,025	0,022	0,025	0,024	0,047
	CA ^S	0,975	0,978	0,975	0,976	
NP	NP ^H	0,744	0,671	0,655	0,681	0,434
	NP ^L	0,256	0,329	0,345	0,319	
Tf	Tf ^A	0,147	0,172	0,139	0,153	0,746
	Tf ^B	0,410	0,339	0,411	0,384	
	Tf ^C	0,123	0,167	0,163	0,155	
	Tf ^D	0,246	0,258	0,243	0,249	
	Tf ^E	0,074	0,064	0,044	0,059	
Al	Al ^F	0,092	0,011	0,050	0,045	0,085
	Al ^S	0,908	0,989	0,950	0,955	
Es	Es ^A	0,141	0,157	0,223	0,178	0,292
	Es ^a	0,859	0,843	0,777	0,822	
						H = 0,350 e.s. = 0,069

Se calcularon las X^2 de equilibrio para los loci codominantes en cada uno de los dos grupos de individuos pertenecientes a diferente generación, resultando que en ninguna de las dos generaciones se detectaron diferencias que les apartaran del equilibrio Hardy-Weinberg ($P < 0,05$).

Así mismo, se realizó una prueba X^2 de equilibrio y una prueba X^2 de homogeneidad entre ambas generaciones, paterna y filial, que resultaron no significativas ($P < 0,05$), lo que permitió agrupar todos los datos y estudiarlos conjuntamente. Los valores estimados en ambas pruebas se presentan en la Tabla 2. En la población conjunta se calculó también una X^2 de equilibrio para cada uno de los loci codominantes la cual no fue significativa ($P < 0,05$), no apartándose la población del equilibrio genético. Los resultados se incluyen también en la Tabla 2.

TABLA 2
Pruebas X² de equilibrio y homogeneidad entre las generaciones paterna (P₀) y filial (F₁) y X² de equilibrio en la población conjunta

LOCUS	X ² EQUILIBRIO P ₀ -F ₁	X ² HOMOGENEIDAD P ₀ -F ₁	X ² EQUILIBRIO CONJUNTA
Hb	1,732 NS gl=1	- 0,217 NS gl=1	1,073 NS gl=1
ME	3,752 NS gl=1	0,290 NS gl=1	3,424 NS gl=1
Dia	1,919 NS gl=1	0,242 NS gl=1	2,201 NS gl=1
Tf	14,253 NS gl=9	11,025 NS gl=9	7,627 NS gl=9

Nota.- Las pruebas X² no se realizaron para los loci CA y AI, dado que en ambos casos el valor de uno de los fenotipos esperados era inferior a la unidad⁶.

Todos los loci analizados resultaron ser polimórficos aunque algunos de ellos (CA y AI) presentaron para el alelo más frecuente (CA^S y AI^S) una frecuencia génica próxima al valor 0,99 establecido como límite para admitir polimorfismo en un locus.

Los sistemas Hb y Es mostraron un claro predominio de las formas más comunes (Hb^B y Es^A) con frecuencias génicas de 0,8 en ambos casos. Por lo que se refiere a los sistemas ME, Dia y NP las formas alélicas ME^F, Dia^F y NP^H fueron las predominantes con unas frecuencias ligeramente superiores a 0,6. En el caso del sistema enzima málico nuestros datos son los primeros que se ofrecen para el ganado churro. Por lo que se refiere a la diaforasa, se observa que la frecuencia del alelo Dia^F (0,675) es notablemente inferior al valor medio obtenido por Ordás y San Primitivo⁴ para la misma raza (0,86). Es necesario tener en cuenta que los animales incluidos en nuestro estudio pertenecen a 17 rebaños lo que puede tomarse como un muestreo bastante representativo de la raza, mientras que los resultados ofrecidos por Ordás y San Primitivo⁴ corresponden a cuatro rebaños, resultando que en nuestro caso la frecuencia para el alelo Dia^F fue inferior al valor obtenido por estos autores en cualquiera de los cuatro rebaños analizados.

Finalmente en el sistema Tf destaca la baja frecuencia del alelo Tf^E (0,059) correspondiendo la mayor frecuencia génica al alelo Tf^B (0,384). Comparando nuestros datos para este polimorfismo con el valor medio estimado para la raza Churra por Ordás y San Primitivo⁴, se observa un incremento en las frecuencias de los alelos Tf^A y Tf^B y un descenso para los alelos Tf^D y Tf^E. Si bien Ordás y San Primitivo⁴ observan variabilidad entre los cuatro rebaños, las frecuencias para los alelos Tf^A y Tf^B obtenidos en el presente trabajo resultan más elevados que cualquiera de los obtenidos en los mismos, mientras que las frecuencias de los alelos Tf^D y Tf^E se encuentran dentro del rango obtenido por estos autores.

Las diferencias observadas en las frecuencias génicas para Dia y Tf podrían deberse a error de muestreo. Sin embargo, al no encontrar diferencias de semejante magnitud en el resto de los polimorfismos analizados, podrían estar implicados caracteres de adaptabilidad y productividad, por lo que sería interesante realizar un seguimiento de la evolución en poblaciones de ganado Churro.

En la Tabla 1 se incluyen además los valores estimados para la tasa de heterocigosis por locus (h) y heterocigosis media (H). Los valores obtenidos para h presentaron gran variabilidad entre los diferentes sistemas génicos. El mayor grado de heterocigosis fue exhibido por el sistema Tf (h = 0,746), coincidiendo con la situación encontrada generalmente en el ganado ovino. En el extremo opuesto los sistemas que presentaron un menor grado de heterocigosis fueron CA (h = 0,047) y AI (h = 0,085). La heterocigosis media alcanzó un valor H = 0,350 ± 0,069. Este valor resultó ligeramente superior a los obtenidos por Ordás y San Primitivo⁴ para diferentes rebaños de oveja de las razas Churra, Manchega y Lacha.

BIBLIOGRAFIA

- 1) BAKER, C.M.A. y MANWELL, C. (1977). Heterozygosity of the sheep: Polymorphism of "Malic Enzyme", Isocitrate Dehydrogenase (NADP), Catalase and Esterase. *Aust. J. Biol. Sci.*, 30: 127-140.
- 2) KRISHNAMURTHY, U.S., BHUVANAKUMAR, C.K. y RATHNASABAPATHY, V. (1974). A new albumin type in Indian sheep. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, 5: 125-127.
- 3) NEI, M. y ROICHOUDHURY, A.K. (1974). Sampling variances of heterozygosity and genetic distance. *Genetics*, 76: 379-390.
- 4) ORDAS, J.G. y SAN PRIMITIVO, F. (1984). Tasa de heterocigosis en poblaciones ovinas. *An. Fac. Vet. León*, 30: 111-118.
- 5) RASMUNSEN, B.A. y TUCKER, E.M. (1973). Transferrins types and reproduction in sheep. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, 4: 207-220.
- 6) SNEDECOR, G.W. y COCHRAN, W.G. (1971). *Métodos estadísticos*. Compañía Editorial Continental, S.A.
- 7) TUCKER, E.M. y CROWLEY, C. (1978). NADH-diphorase as a genetic marker in sheep. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, 9: 161-167.
- 8) TUCKER, E.M. y YOUNG, J.D. (1976). Genetic variation in the purine nucleoside phosphorylase activity of sheep red cells. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, 7: 109-117.
- 9) TUCKER, E.M., SUZUKI, Y. y STORMONT, C. (1967). Three new phenotypic systems in the blood of sheep. *Vox Sanguinis*, 13: 246-262.
- 10) YAMAN, K. y TUCKER, E.M. (1981). "Malic Enzyme" polymorphism in sheep erythrocytes. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, 12: 215-218.