ASOCIACIÓN DE CRIADORES
CÁRDENA ANDALUZA

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

INFORME DEL GRUPO DE INVESTIGACIÓN MERAGEM (PAI AGR-158), RESPONSABLE DEL PROGRAMA DE CONSERVACIÓN-MEJORA DEL PROGRAMA DE CRÍA DEL BOVINO DE RAZA CÁRDENA

UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA

MEJORA DE RAZAS AUTÓCTONAS Y GENÉTICA MOLECULAR
MERAGEM

Córdoba, enero 2020

En la campaña pasada se presento un informe de la situación de variabilidad genética de la raza Cárdena en base a la información genealógica, en la que se ponía de manifiesto que a pesar de la limitada profundidad del pedigrí de los animales de esta población (típica de las razas en peligro de extinción), se detectaba un incremento de consanguinidad y del parentesco aditivo de los animales debido al descenso continuo del tamaño efectivo de la raza. En este hecho intervenía claramente los problemas sanitarios que en los anteriores años habían impedido el movimiento de reproductores entre las ganaderías no calificadas.

En este informe se pretende realizar un análisis de la situación y evolución de la variabilidad genética de la población, utilizando para ello un panel de marcadores moleculares neutros (microsatélites). Este análisis tiene como ventaja sobre el realizado a partir del pedigrí, en que es independiente del nivel de profundidad o completez del mismo (es más fiable por lo tanto) y el inconveniente que puede estar influido por el muestreo que se ha hecho si no se analiza la población completa.

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

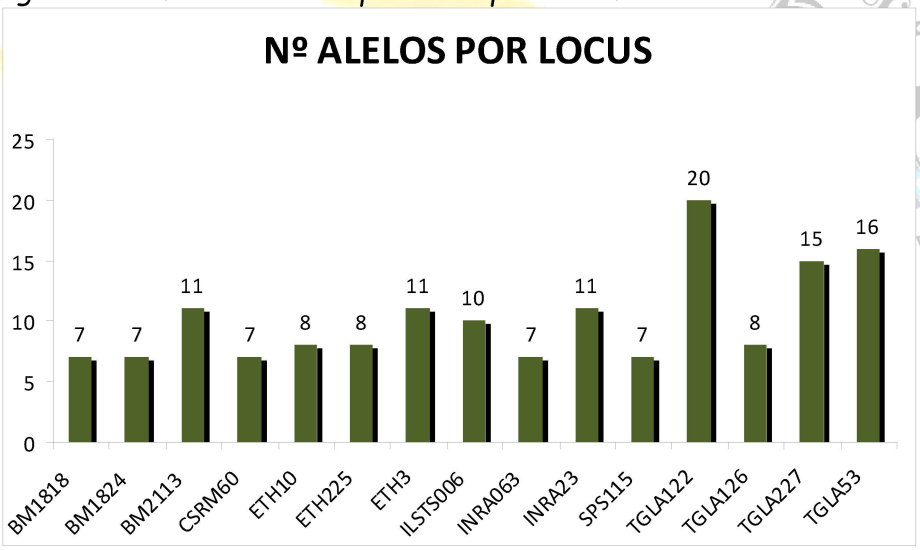
Utilizando la información de 613 animales genotipados hasta el 2019 (pertenecientes a 15 ganaderías distribuidas en 4 comunidades autónomas del territorio nacional) se ha realizado un análisis de la situación y evolución de la variabilidad genética de la población.

Se utilizaron los datos de 15 marcadores de tipo microsatélite aprobados y recomendados por la FAO por su alto contenido de información polimórfica para la especie bovina.

Nivel de variabilidad genética

En la población analizada se ha determinado un elevado número de alelos por locus como se puede apreciar en la gráfica siguiente:

Figura 1. Número de alelos por locus para los microsatélites utilizados



La variabilidad genética se calculó medida en forma de heterocigosidad esperada y observada, así como el número medio de alelos por locus.

Tabla 1. Promedios por ganadería de los parámetros de variabilidad analizados

COMUNIDAD	GANADERIA	Hexp	Hobs	NMA/Loc
Andalucía		0,711	0,682	9,200
	ES110350001109	0,588	0,644	3,933
	ES140210000076	0,744	0,758	7,267
	ES140210000322	0,721	0,750	6,533
	ES140210000921	0,725	0,691	6,364
	ES140260000424	0,619	0,649	7,600
	ES290840000728	0,463	0,633	2,600
Aragón		0,694	0,756	7,000
	ES440090000416	0,694	0,756	7,000
Castilla La Mancha		0,712	0,741	8,330
	ES130150000213	0,634	0,666	4,733
	ES130150000214	0,699	0,740	5,933
	ES130150000303	0,367	0,733	1,733
	ES130150000451	0,708	0,759	7,067
	ES130150000481	0,691	0,775	5,533
	ES130550000144	0,596	0,613	4,000
	ES130550000145	0,618	0,725	4,467
GLOBAL		**0,687**	**0,702**	**7,64**

Hexp: Heterocigosidad esperada; Hobs: Het.observada; NMA/Loc: Nºmedio alelos/locus.

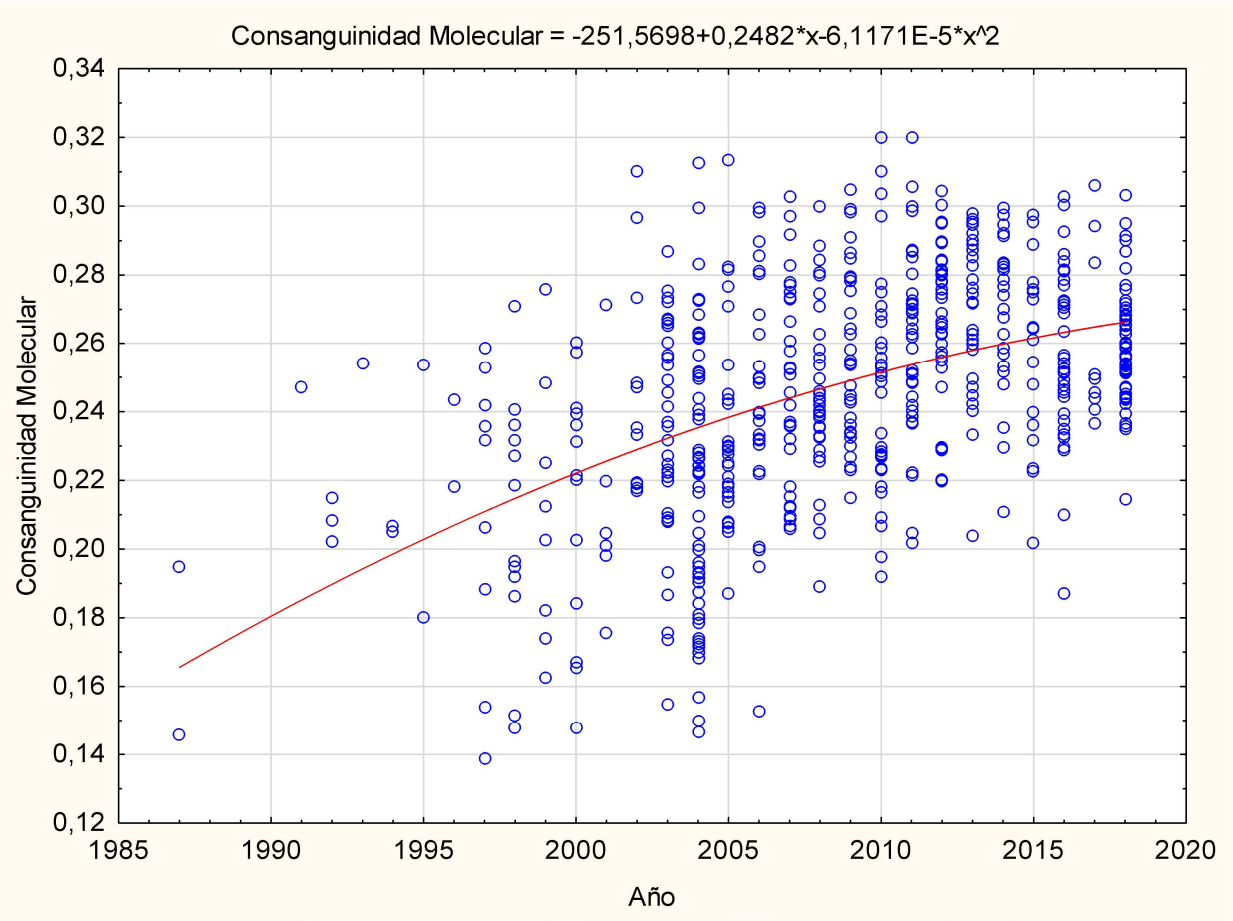
En general se puede observar una variabilidad media, acorde a la situación de la raza, con una heterocigosidad observada ligeramente superior a la esperada (con excepción de una ganadería andaluza), lo que es indicativo que se están distribuyendo de manera equilibrada los distintos alelos en las poblaciones lo que implica que se está realizando intentos de mantener la variabilidad genética, y que la consanguinidad no supere los límites que determinen la aparición de las consecuencias de la depresión consanguínea (disminución del rendimiento productivo, incremento de la mortalidad, dificultades reproductivas...).

No obstante existen grandes diferencias en el nivel de variabilidad de las explotaciones, oscilando entre una Ho de 0,367 (muy preocupante) y 0,744 (una buena situación desde el punto de vista de la variabilidad genética). En el caso de las explotaciones ES130150000303 y ES290840000728 se debe monitorizar la situación y proponer medidas que permitan incrementar la variabilidad a unos niveles aceptables (introducción de animales de otras explotaciones, eliminación de reproductores con elevado porcentaje de parentesco con el resto de reproductores de la explotación, apareamientos dirigidos...).

Evolución de la de variabilidad molecular en la población Cárdena.

En las figuras siguientes se presenta la evolución de la variabilidad genética (medida como consanguinidad molecular) para machos y hembras en el periodo monitorizado (1997-2019).

Figura 2. Evolución de la variabilidad genética (F molecular) en la población Cárdena en las últimas décadas

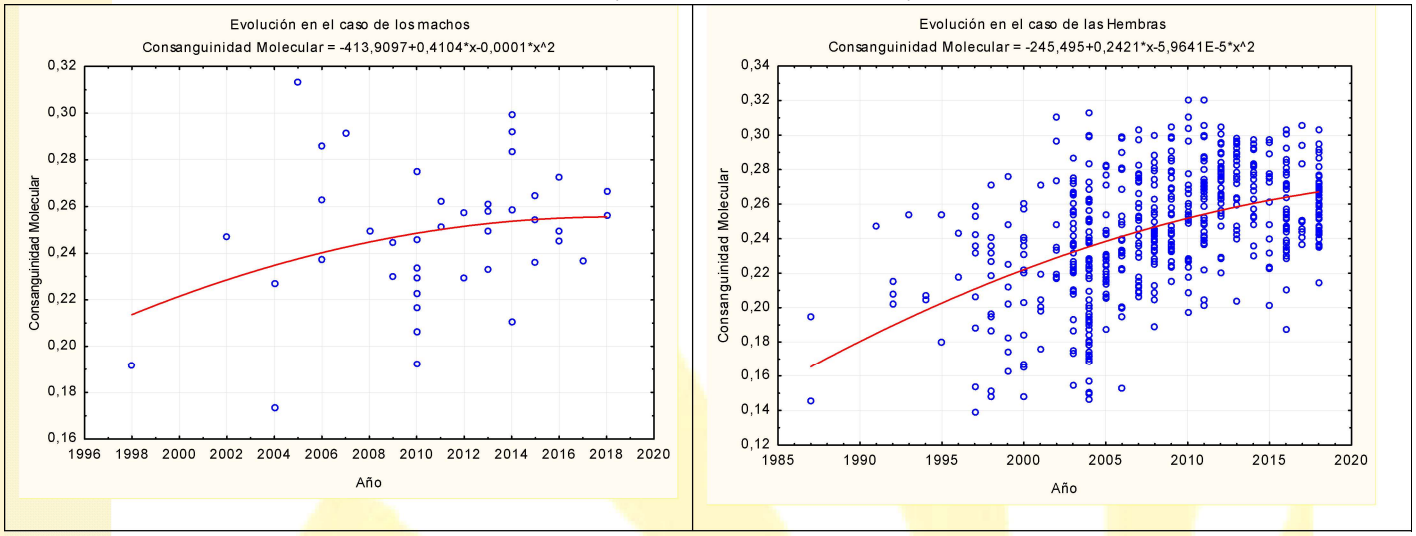


Como era de esperar se asiste a un incremento de la consanguinidad molecular (pérdida de variabilidad) dada la situación de la raza, aunque se observa como este incremento se ha moderado en la última década, fruto de las acciones llevadas a cabo desde la Asociación de Criadores.

El análisis correspondiente para cada sexo mostró que dicho incremento fue más limitado en el caso de los sementales, confirmando los esfuerzos realizados por los ganaderos para evitar lo máximo posible la pérdida de variabilidad especialmente en los machos. No obstante en ambos casos se puede observar la presencia de animales con elevados niveles de consanguinidad (homocigosis) muy probablemente por los problemas derivados de la legislación sanitaria en relación al movimiento pecuario (imposibilidad de introducir reproductores en aquellas ganaderías que han presentado casos positivos en las

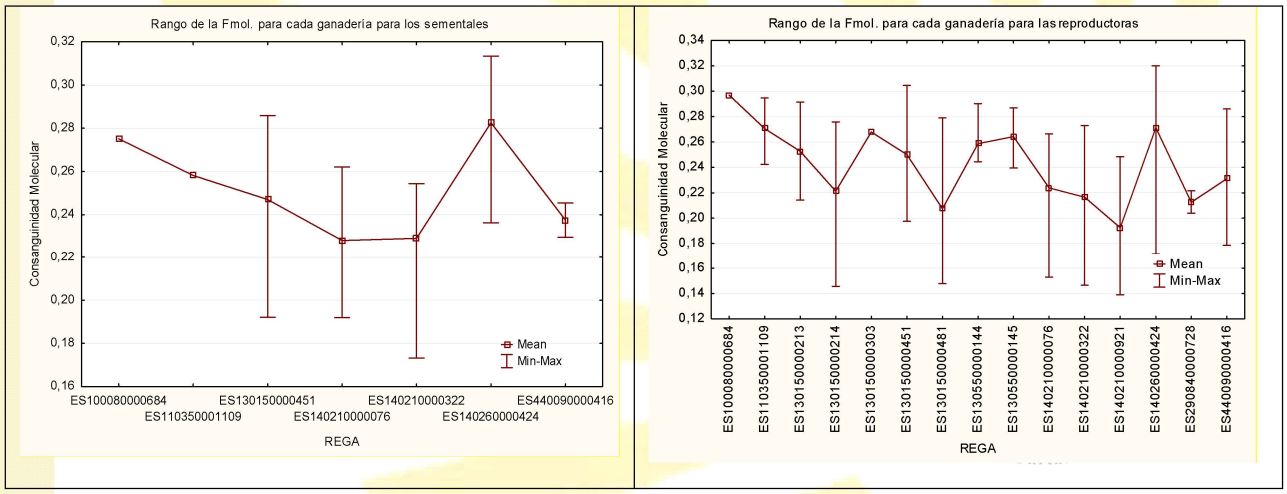
enfermedades infecciosas de declaración obligatoria). En un estudio anterior se determinó el impacto que esta teniendo en la situación de la raza la presencia de casos de tuberculosis bovina.

Figura 3. Evolución de la variabilidad genética (F molecular) en la población Cárdena en las últimas décadas para cada sexo del reproductor



En la siguiente figura presentamos la F molecular promedio en las diferentes ganaderías analizadas, tanto para machos como para hembras.

Figura 4. Rango de consanguinidad molecular para cada ganadería de raza Cárdena



Se puede observar las claras diferencias tanto en el promedio como en el rango de la F molecular entre ganaderías, tanto en el caso de los sementales, como en el de las vacas.

Estos resultados deben ser tenidos en cuenta a la hora de monitorizar la situación en aquellas ganaderías con elevados promedios o con animales con elevados valores de F, a fin de detectar posibles problemas derivados de la depresión consanguínea y en todo caso proponer medidas correctoras. Dentro de estas se encontrarían:

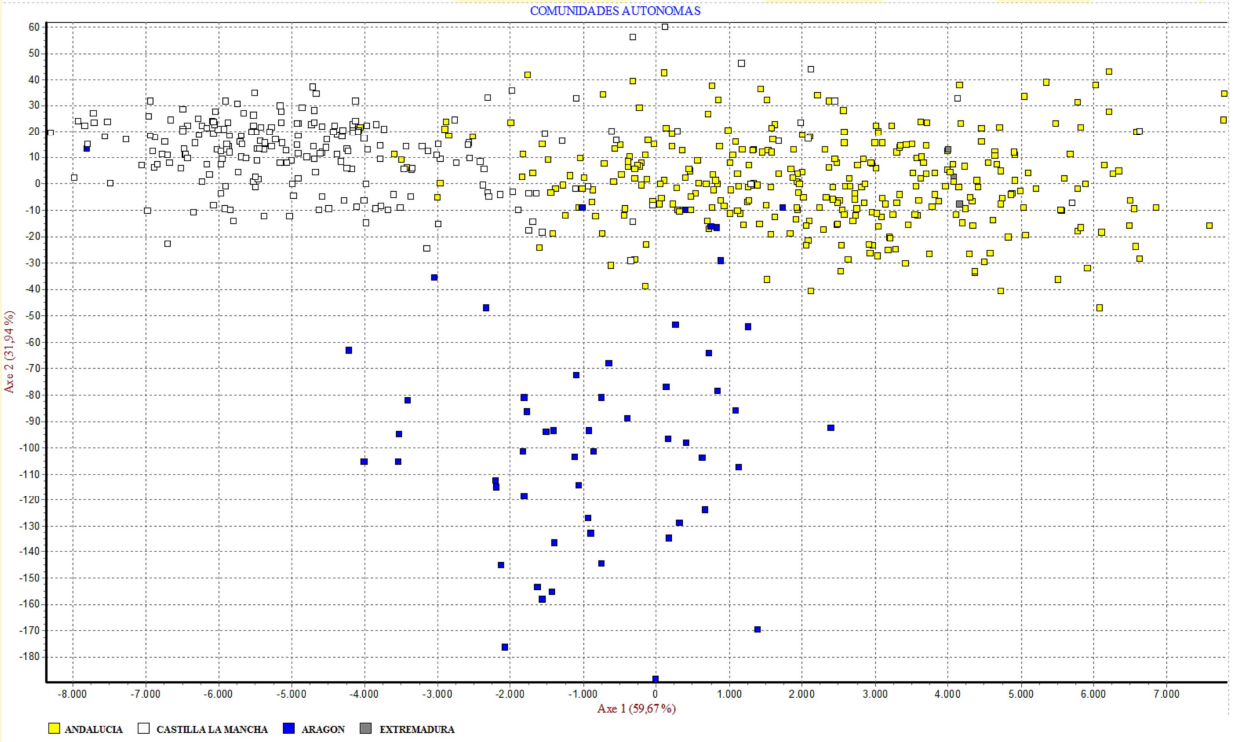
- introducción de reproductores de aquellas ganaderías calificadas sanitariamente con las que tengan una mayor distancia genética

- eliminación de los reproductores con elevados niveles de parentesco molecular con el resto de la población o monta dirigida en caso de no ser posible la eliminación.

Análisis del grado de diferenciación genética poblacional

En la siguiente figura se presenta una nube de distribución de los animales resultando del AFC (análisis factorial de correspondencias).

Figura 5. Distribución de los animales muestreados en función de su perfil genético.

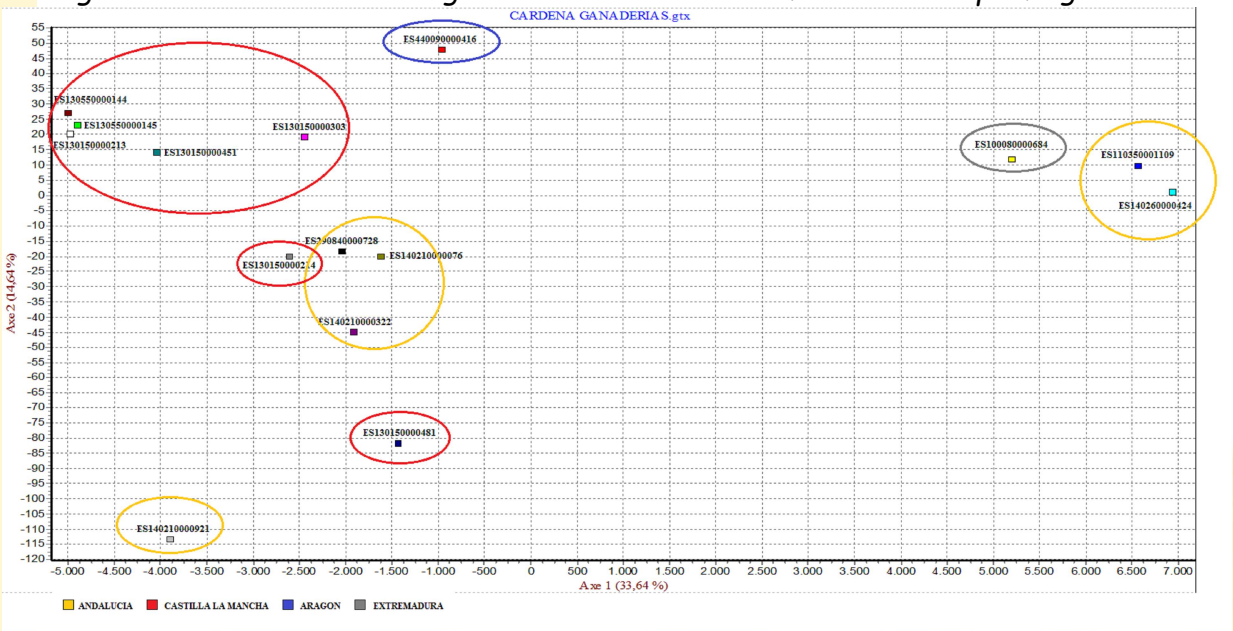


Se puede observar como los animales pertenecientes a ganaderías de Andalucía, Castilla la Mancha y Aragón presentan cierto grado de agrupamiento (diferenciación genética), siendo en el caso de los animales de la última CCAA menos homogéneos genéticamente.

Cuando agrupamos por ganadería, se puede apreciar como hay algunas ganaderías que muestran un bajo nivel de correspondencia con la nube central poblacional. Es decir ganaderías que se están aislando del resto, principalmente por el hecho de presentan un

bajo o nulo nivel de intercambio genético. De mantenerse este hecho, a la vuelta de algunas generaciones pueden existir ya claras diferencias con el resto de ganaderías. Esta fragmentación puede ocasionar diferencias en adaptación e incrementos en la consanguinidad preocupantes si no se toman las medidas oportunas.

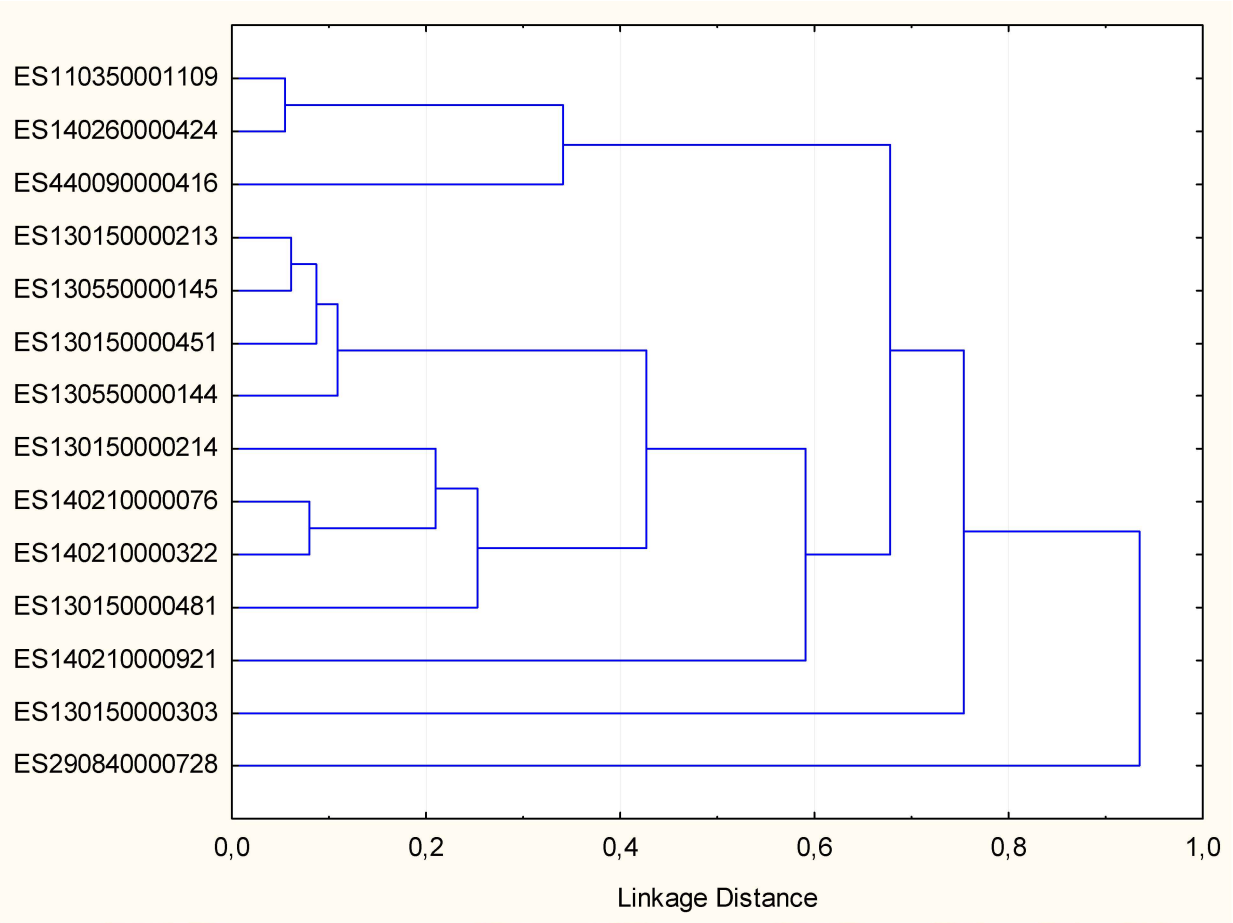
Figura 6. Distribución de las ganaderías analizadas en función de su perfil genético.



Este hecho se puede comprobar mediante la figura siguiente en la que se presenta un cluster de diferenciación genético entre las ganaderías de la raza.

Se puede observar la existencia de dos ganaderías activas (ES0110350001109, ES140260000424) con un nivel de diferenciación del núcleo principal elevado. También se puede apreciar con la ganadería ES290840000728 que presenta una elevada distancia genética con el resto.

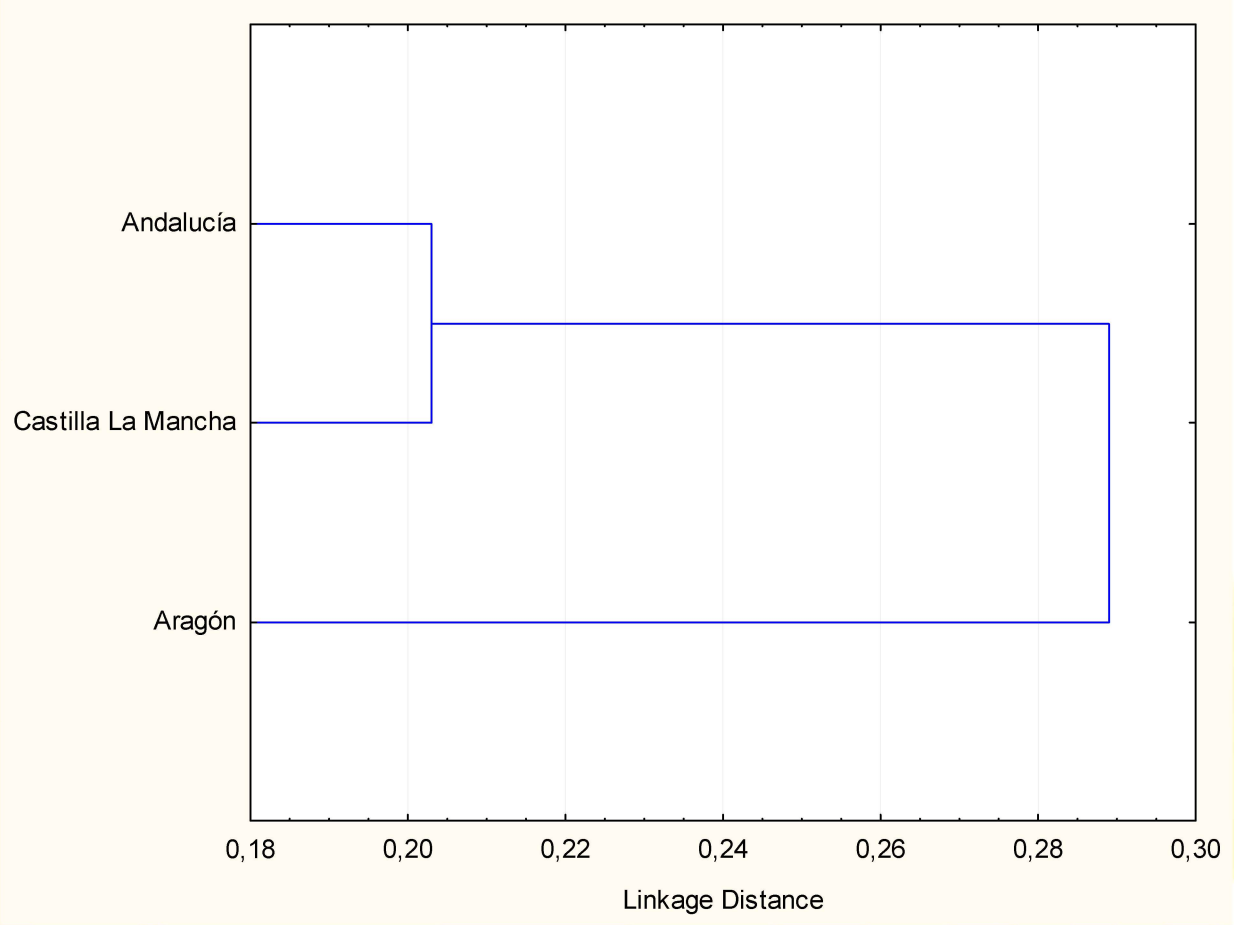
Figura 7. Cluster de diferenciación genética de las ganaderías de la raza Cárdena en base a su perfil genético



La información de este análisis puede ayudar a la hora de toma de decisiones para la gestión genética de la población Cárdena, 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).

Por último nos propusimos determinar en que grado se están diferenciando las ganaderías de cada CCAA (principalmente por la distancia genética, y en menor medida por razones culturales o políticas). El análisis cluster permite observar como globalmente las ganaderías pertenecientes a Castilla la Mancha y Andalucía, se encuentran más próximas entre ellas que la perteneciente a Aragón.

Figura 8. Cluster de diferenciación genética de las 3 Comunidades Autónomas a las que pertenecen las ganaderías de la raza Cárdena 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 bovina Cárdena 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 raza.

2) La existencia de animales (especialmente vacas) con alta F y los incrementos de los promedios de los reproductores en algunas ganaderías en la última década, hace que se deba monitorizar si ya se están notando los efectos de la depresión consanguínea en dichas explotaciones, y en su caso tomar las medidas 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).