



## **RZ01-020. Aplicación de nuevas técnicas de gestión de reproductores para la conservación de la variabilidad genética en la raza ovina "Xalda" de Asturias**

<b>Investigador responsable</b>	<b>Organismo</b>
Félix M <sup>a</sup> Goyache Goñi	SERIDA
<b>Equipo investigador</b>	
Isabel Álvarez Fernández	SERIDA
Luis J. Royo Martín	"
Juan Pablo Gutiérrez García	U. Complut. Madrid
<b>Equipo técnico</b>	
Iván Fernández Suárez	SERIDA
<b>Entidades participantes</b>	
Asociación de Criadores de Oveja Xalda Asturiana (ACOXIA)	

### **Objetivos**

- Caracterizar el patrimonio genético único en grave peligro de desaparición constituido por la oveja "Xalda" de Asturias.
- Obtener información genotípica tanto de la raza "Xalda" como de razas que se supone están emparentadas con ella.
- Analizar la información para establecer las relaciones históricas ancestrales y recientes de la raza "Xalda" con las razas ovinas de su entorno.

### **Resultados**

#### **Caracterización y obtención de información genotípica de diversas razas ovinas**

Se obtuvieron 238 muestras de sangre de individuos no emparentados de las siguientes

razas ovinas: "Latxa cara rubia" (33 individuos), "Latxa cara negra" (34 individuos), "Rubia del Molar" (34 individuos), "Churra" (36 individuos), "Castellana" (39 individuos) y "Xalda" (62 individuos). Todas las razas muestreadas se consideran, en principio, pertenecientes al tronco ovino Churro. Las áreas geográficas principales donde se distribuyen esas razas se muestran en la figura 1. Tras la extracción del ADN total a partir de las muestras de sangre, los individuos se genotiparon para 14 microsatélites (BM8125, BM6526, CP34, BM757, INRA006, BM6506, BM1818, FCB128, CSSM31, CSMM66, ILSTS011, McM53, RMO06 e ILSTS005) en un secuenciador automático ALF Express2.

La descripción de los datos genotípicos de cada raza se encuentra en la tabla 1. La heterocigosis observada es muy próxima a la media de 0,77 establecida en estudios previos realizados en la Universidad de León para el conjunto de razas ovinas españolas. Esto hace que los genotipos disponibles resulten válidos para conseguir los objetivos propuestos. La tabla 2 describe los valores del estadístico  $F_{st}$  para cada pareja de razas analizada. El estadístico  $F_{st}$  debe entenderse como una medida (en porcentaje) del grado de diferencia genética que existe entre dos razas. El valor del estadístico  $F_{st}$  para el conjunto de las razas analizadas es de 0,06 lo que implica una menor diferenciación de las razas genotipadas respecto del conjunto de las razas ovinas españolas que es de 0,07. Esto hecho es lógico, ya que, *a priori*, las razas analizadas pertenecen al mismo tronco ancestral y se encuentran en el mismo área geográfica (norte de España). La menor diferenciación se encuentra entre las dos poblaciones de oveja "Latxa" (0,019) mientras que las mayores diferencias se encuentran entre la "Rubia del Molar" y las otras razas (valores  $F_{st}$  entre 0,06 y 0,09), probablemente como resul-



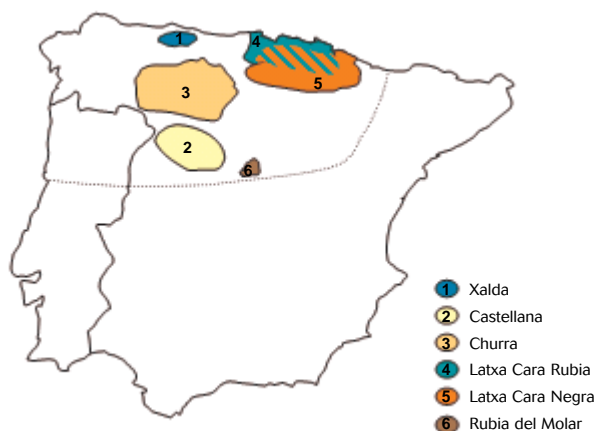


Figura 1.–Áreas geográficas donde la densidad de las seis razas ovinas estudiadas es mayor. La línea de puntos muestra la zona de distribución del tronco ovino Churro

Tabla 1.–Heterocigosis esperada, incesgada y observada, y número medio de alelos por marcador en seis razas ovinas españolas

Razas	Numero de individuos	Heterocigosis			Número medio de alelos por marcador
		esperada	incesgada	observada	
“Latxa cara rubia”	33	0,6893	0,6999	0,6605	6,9
“Latxa cara negra”	34	0,6543	0,6641	0,5943	6,1
“Rubia del Molar”	34	0,6189	0,6283	0,5997	5,1
“Churra”	36	0,7038	0,7140	0,6607	7,6
“Castellana”	39	0,7084	0,7176	0,7137	7,4
“Xalda”	62	0,6587	0,6641	0,5720	8,5

Tabla 2.–Valores de diferenciación Fst entre las seis razas ovinas analizadas

	“Latxa cara negra”	“Rubia del Molar”	“Churra”	“Castellana”	“Xalda”
“Latxa cara rubia”	0,0191	0,0898	0,0579	0,0295	0,0438
“Latxa cara negra”		0,0949	0,0661	0,0416	0,0384
“Rubia del Molar”			0,0666	0,0817	0,0858
“Churra”				0,0441	0,0616
Castellana”					0,0417



**Tabla 3.—Coeficientes de flujo genético ancestral ( $m_j$ ). Cada raza (en las columnas) fue analizada como derivada de todas las demás. Las filas muestran la contribución de cada raza parental. Las contribuciones mayores de 0,50 se remarcan en negrita**

Población parental	Población derivada					
	1	2	3	4	5	6
1. "Latxa cara rubia"	—	<b>0,5354</b>	-0,1206	0,0932	0,1290	-0,7080
2. "Latxa cara negra"	<b>1,0041</b>	—	<b>0,8271</b>	-0,1345	0,3484	<b>0,7321</b>
3. "Rubia del Molar"	-0,0785	0,2199	—	0,2533	-0,2104	-0,1554
4. "Churra"	0,3292	-0,1463	<b>0,7268</b>	—	<b>0,5274</b>	<b>0,6647</b>
5. "Castellana"	0,1905	0,1221	-0,1692	0,3311	—	0,4665
6. "Xalda"	-0,4453	0,2689	-0,2641	0,4569	0,2056	—

**Tabla 4.—Tasas de migración reciente estimadas en seis razas ovinas del norte de España. Los valores mayores de 0,10 se detallan en negrita para facilitar la interpretación de los datos**

Población parental	Población derivada					
	1	2	3	4	5	6
1. "Latxa cara rubia"	<b>0,6892</b>	0,0025	0,0033	0,0086	<b>0,2923</b>	0,0208
2. "Latxa cara negra"	<b>0,2857</b>	<b>0,9876</b>	0,0027	0,0047	0,0185	0,0381
3. "Rubia del Molar"	0,0077	0,0026	<b>0,9864</b>	0,0045	0,0043	0,0026
4. "Churra"	0,0046	0,0022	0,0024	<b>0,6756</b>	0,0041	0,0022
5. "Castellana"	0,0062	0,0025	0,0029	<b>0,3022</b>	<b>0,6763</b>	0,0034
6. "Xalda"	0,0066	0,0027	0,0024	0,0043	0,0044	<b>0,9330</b>

tado de la gran recesión experimentada en los efectivos de esa raza. Los estimadores de diferenciación basados en el estadístico  $F_{st}$  se fundamentan en modelos sencillos que asumen un tamaño poblacional constante. Es por ello que, especialmente, en casos de presencia de cuellos de botella genéticos como los que experimentaron las razas "Rubia del Molar" o "Xalda", los resultados pueden estar sesgados y, en consecuencia, se deberán utilizar otras técnicas más informativas sobre las relaciones genéticas "reales" existentes entre razas, tanto en el momento de su diferenciación como razas, como en tiempos recientes.

### **Análisis de las tasas de migración entre razas**

Se realizó un análisis estadístico de los genotipos para conocer las tasas de migración ancestral (valores  $m_j$ ) y reciente (Tablas 3 y 4) que han existido entre las razas analizadas, utilizando, respectivamente, los programas ADMIX 2.0 y BayesAss+. Los valores  $m_j$  expuestos en la tabla 3 indican que las razas "Churra" y "Latxa cara negra" son el origen de los flujos genéticos ancestrales más importantes. Tanto la raza "Xalda" como la "Rubia del Molar" derivarían ancestralmente de esas dos





poblaciones, lo que reflejaría la existencia de dos “zonas de contacto” genético entre las dos poblaciones parentales más importantes dentro del tronco Churro. Como puede apreciarse en la figura 1, estas zonas de contacto se habrían establecido en las periferias de sus distribuciones, tanto hacia el norte (raza “Xalda”) como al sur (raza “Rubia del Molar”). Se encontró un valor muy negativo del parámetro  $m\gamma$  entre las razas “Latxa cara rubia” y la “Xalda”. Los valores negativos del parámetro  $m\gamma$  reflejan la existencia de un proceso de introgresión genética entre ambas razas que se está realizando todavía hoy. De hecho, la población “Latxa cara rubia” protagonizó hasta tiempos recientes un proceso de sustitución que ha llevado al riesgo de desaparición a la raza “Xalda”. La tabla 4

muestra las tasas de migración reciente (hasta la segunda generación de migrantes) estimadas para el conjunto de las razas analizadas. A la vista de los resultados obtenidos, cabe concluir que los animales fundadores del Libro Genealógico de la raza “Xalda” no ha recibido en las últimas dos generaciones una proporción significativa de migrantes de otras poblaciones. Este resultado contrasta con la historia reciente de esta raza, que sufrió una importante recesión en su número de efectivos en la segunda mitad del siglo XX por la introducción en Asturias de razas foráneas. Nuestros resultados señalan el hecho de que los animales elegidos como población base para la resuperación de la raza no presentan, en conjunto, un gran grado de introgresión genética de razas alóctonas.

## **TIC2001-3579. Desarrollo de software inteligente basado en aprendizaje automático aplicado a problemas reales de ordenación y clasificación**

### **Investigador responsable**

Antonio Bahamonde Rionda

### **Organismo**

Universidad Oviedo

### **Equipo investigador**

Félix M<sup>a</sup> Goyache Goñi

SERIDA

### **Entidades participantes**

Ayuntamiento de Gijón, Servicio de Investigación Agraria (SIA) de Aragón

### **Objetivos**

- Desarrollar un algoritmo de valoración de ordenaciones parciales para aplicar en la evaluación de la calidad de productos agroalimentarios.

### **Resultados**

#### **Desarrollo de un algoritmo de valoración de ordenaciones parciales para su aplicación en la evaluación de la calidad de productos agroalimentarios**

Se aplicaron algoritmos de Aprendizaje Automático para computar una fórmula, denominada “función de valoración”, capaz de resumir los méritos de varios conjuntos de objetos de origen agroalimentario según los criterios expresados por expertos clasificadores. Los ejemplos sobre los que se aplicó la nueva metodología son: a) calificación de bovinos como productores de carne; y b) calificación de canales bovinas.