



CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DEL CABALLO DE LA MONTAÑA ASTURIANA

Noviembre, 2015

1



SGI 6017191



Índice

Índice.....	2
Caracterización genética.-	3
Introducción.-	3
Relaciones genéticas con otras razas y medidas de diversidad.-.....	4
Material y Métodos.-	4
Resultados obtenidos.-	6
Genética de la coloración de capas y ambladura.-.....	13
Resultados en el Caballo de la Montaña Asturiana.-	17
<i>Coloraciones básicas de la capa.-</i>	<i>17</i>
<i>Ambladura.-.....</i>	<i>18</i>
Bibliografía citada.-.....	18
Conclusiones.-.....	19



Caracterización genética.-

Introducción.-

La utilización de información molecular para obtener estimaciones de diversidad genética y de cómo dicha diversidad está distribuida entre y dentro de poblaciones es un recurso habitual durante los últimos 25 años. Si se dispone de un muestreo eficiente, tanto de la representación de cada población, como de las poblaciones incluidas en el análisis, es posible obtener respuestas que tengan interés para los objetivos de caracterización genética.

Un grupo de trabajo de la FAO propuso en 1993 (FAO, 1993) un programa global de caracterización de los recursos genéticos animales, incluyendo recomendaciones para la caracterización molecular y el análisis de la diversidad.

En 2011 la FAO (FAO, 2011) en colaboración con la ISAG (International Society for Animal Genetics) y con los participantes en el Proyecto GLOBALDIV (www.globaldiv.eu) revisó y actualizó su guía original.

La utilización de marcadores genéticos neutros, como los microsatélites, han sido los marcadores moleculares de elección en el mayoría de los trabajos sobre diversidad de las especies de animales domésticos (Groeneveld et al., 2010), y la FAO propuso paneles de este tipo de marcadores para las nueve especies más relevantes (www.globaldiv.eu/docs/Microsatellite%20markers.pdf). Este tipo de marcadores no codifican ninguna proteína por lo que se espera un comportamiento neutro desde el punto de vista de la selección, tanto natural como artificial, son muy polimórficos, por lo que tienen una elevada capacidad de discriminación, y son relativamente fáciles de semi-automatizar, por lo que es posible el intercambio de información entre laboratorios. Han sido frecuentemente utilizados también en la especie equina (Cañón et al., 2000; Marletta et al., 2006)



El objetivo de este trabajo no sólo fue estudiar el posicionamiento genético de la población de caballos de monte asturianos con respecto a las principales razas de caballos reconocidas que pudieran mantener una relación de proximidad con ellas, también teníamos interés en dilucidar la existencia de niveles de diversidad genética dentro de la población analizada, así como la posible división en subpoblaciones, y algunas características genéticas que afectan a caracteres visibles como las coloraciones de las capas y los tipos de andaduras.

Relaciones genéticas con otras razas y medidas de diversidad.-

Material y Métodos.-

El conjunto de marcadores tipo microsatélite utilizados figuran, junto con los cebadores que permiten su amplificación, en la Tabla 1. Todos ellos están incluidos en el conjunto recomendado por la FAO para los estudios de diversidad genética. Este conjunto de marcadores proporcionaron para los análisis de diversidad 210 variantes alélicas.

Tabla 1.- Nombre del microsatélite y secuencias utilizadas para su amplificación

Microsatélite		Secuencia del Cebador	Microsatélite		Secuencia del Cebador
ASB17	Forward	GAGGGCGGTACCTTTGTACC	TKY294	Forward	GATCTATGTGCTAGCAAACAC
	Reverse	ACCAGTCAGGATCTCCACCG		Reverse	CTAGTGTTTCAGATAGCCTC
HMS06	Forward	GAAGCTGCCAGTATTCAACCATTG	TKY297	Forward	GTCTTTTGTGCCTCTGGTG
	Reverse	CTCCATCTTGTGAAGTGAACTCA		Reverse	TCAGGGGACAGTGGCAGCAG
VHL20	Forward	CAAGTCTCTTACTTGAAGACTAG	TKY301	Forward	AATGGTGGCTAATCAATGGG
	Reverse	AACTCAGGGAGAATCTTCCTCAGG		Reverse	GTGTATGATGCCCTCATCTC
ASB23	Forward	GAGGGCAGCAGGTTGGGAAGG	TKY312	Forward	AACCTGGGTTTCTGTTGTTG
	Reverse	ACATCCTGGTCAAATCAGAGTCC		Reverse	GATCCTCTTTTTATGGCTG
HMS07	Forward	CAGGAAACTCATGTTGATACCATC	TKY321	Forward	TTGTTGGGTTTAGGTATGAAGG
	Reverse	TGTTGTTGAAACATACCTTGACTGT		Reverse	GTGTCAATGTGACTTCAAGAAC
HTG04	Forward	CTATCTCAGTCTTGATTGCAGGAC	TKY325	Forward	GGATGGAGTGAGATAATACC



HMS03	Reverse	CTCCCTCCCTCCCTCTGTTCTC	TKY333	Reverse	TGGATGAACCATGAATAGTG
	Forward	CCAACTCTTTGTACATAACAAGA		Forward	CCTTCACTAGCCTTCAAATG
HTG10	Reverse	CCATCCTCACTTTTTCACTTTGTT	TKY341	Reverse	TTGTGTTTAGACAGTGCTGC
	Forward	CAATCCCGCCCCACCCCGGCA		Forward	TATCCAGTCACCCATTTTAC
LEX33	Reverse	TTTTTATTCTGATCTGTCACATTT	TKY343	Reverse	TTGTGTCAGTACACTCTATG
	Forward	TTAATCAAAGGATTCAGTTG		Forward	TAGCCCTATTTCTCCTGAG
TKY287	Reverse	GGGACACTTTCTTTACTTTC	TKY344	Reverse	AAACCCACAGATACTCTAGA
	Forward	ATCAGAGAACACCAAGAAGG		Forward	GTGTCCATCAATGGATGAAG
	Reverse	TCTCTGCTATAGGTAAGGTC		Reverse	CTAAGGCTAAATAATATCCC

Para los análisis de posicionamiento genéticos, además de las muestras de la población objeto de estudio, dispusimos de 203 muestras de las seis razas siguientes: Asturcón, Burguete, Hispano-Bretón, Jaca Navarra, Pottoka, Caballo de Monte Gallego (Tabla 2).

Después de estimar los principales parámetros poblacionales de diversidad génica y riqueza alélicas, se calcularon los estadísticos F de Wright (F_{IT} , F_{ST} y F_{IS}) para entender como está distribuida la diversidad, y aplicando el procedimiento de Weitzman (1992, 1993) utilizamos la matriz de distancias F_{ST} para calcular la pérdida marginal de diversidad genética, transformar dicha matriz en otra con propiedades ultramétricas y representarla mediante el algoritmo de Neighbor-joining.

Se llevó a cabo un análisis multivariante de correspondencia para representar en un sistema de dos ejes la posición relativa de las diferentes poblaciones incluidas en el estudio.

Además de software propio, utilizamos el siguiente en la elaboración de los resultados: Genetix 4.4 (Belkhir et al., 2001), FSTAT 2.9.3.2 (Goudet, 2001), MEGA 4.0 (Tamura et al., 2007), Structure 2.2 (Pritchard et al., 2000).



Resultados obtenidos.-

En la Tabla 2 figuran las poblaciones incluidas en el análisis, así como las estimaciones de los principales parámetros de diversidad.

Tabla 2.- Nombre de la raza o población, número de animales analizados (n), heterocigosis esperada (He) y observada (Ho), número medio de alelos (NA) y riqueza alélica (RA) con los valores de su desviación típica (DT) entre paréntesis, y valor del estadístico F_{IS} .

Raza	n	He	Ho	NA (DT)	RA (DT)	F_{IS}
Asturcón	31	0,726	0,702	6,9 (1,3)	6,4 (1,3)	0,032
Burguete	50	0,755	0,728	8,1 (3,1)	6,9 (1,9)	0,036*
Hispano-Bretón	30	0,760	0,765	7,4 (1,9)	6,7 (1,7)	-0,006
Jaca Navarra	28	0,749	0,719	8,0 (1,9)	7,6 (1,9)	0,039
Pottoka	24	0,758	0,774	7,5 (2,1)	7,1 (2,1)	-0,021
Caballo de Monte Gallego	40	0,767	0,748	8,2 (2,1)	7,0 (1,4)	0,024
Caballo de la Montaña Asturiana	42	0,746	0,735	7,4 (2,3)	6,3 (1,6)	0,015

Tan solo la raza Burguete tuvo un déficit de heterocigotos significativo, mientras que el resto no se separaba del equilibrio Hardy-Weinberg. La población Caballo de la Montaña Asturiana tuvo el valor más reducido de riqueza alélica, similar al encontrado en el Asturcón, aunque con valores de heterocigosis (esperada y observada) superiores a los de ésta última raza.

En cuanto a los valores globales de sub-división, las estimaciones de los estadísticos de Wright proporcionaron unos valores para F_{IT} , F_{ST} y F_{IS} de 0,063 (0,036-0,084), 0,045 (0,036-0,053), y 0,019 (0,005-0,036) respectivamente (entre paréntesis los intervalos de confianza del 95 %). Las razas explican, en promedio, el 4,5 por 100 de la variabilidad genética.

Si observamos con más detalle lo que ocurre con el grado de diferenciación genética entre pares de poblaciones, la población Caballo de la Montaña Asturiana (Tabla 3) se diferencia significativamente del Asturcón, Jaca Navarra, Pottoka y del



Caballo de Monte Gallego, pero no así del Burguete o del Hispano-Bretón. Igualmente, no se obtuvieron diferencias significativas entre las razas Burguete e Hispano-Bretón.

Tabla 3.- Distancias genéticas, en términos de F_{ST} , por parejas. Las celdas sombreadas indican ausencia de diferencias significativas para un p-valor de 0,05.

	Burguete	Hispano-Bretón	Jaca Navarra	Pottoka	Caballo de Monte Gallego	Caballo de la Montaña Asturiana
Asturcón	0,091	0,087	0,098	0,087	0,067	0,091
Burguete		0,002	0,013	0,059	0,036	0,004
Hispano-Bretón			0,016	0,043	0,035	0,003
Jaca Navarra				0,052	0,045	0,026
Pottoka					0,044	0,062
Caballo de Monte Gallego						0,035

En la Tabla 4 figuran ordenadas por los promedios de las distancias genéticas, en términos de F_{ST} , de cada una de las razas al resto de razas incluidas en los análisis.

Tabla 4.- Promedio de las distancias genéticas, en términos de F_{ST} , de cada una de las razas al resto de razas.

Raza	F_{ST}
Asturcón	0,0868
Pottoka	0,0577
Caballo de Monte Gallego	0,0438
Jaca Navarra	0,0417
Caballo de la Montaña Asturiana	0,0368
Burguete	0,0343
Hispano-Bretón	0,0310

La raza genéticamente más aislada resultó el Asturcón, mientras que la posición del Caballo de la Montaña Asturiana es muy similar a las del Burguete e Hispano-Bretón.



Si la matriz que aparece en la Tabla 3 la transformamos en una matriz con propiedades ultramétricas podemos obtener una representación que es única tal y como aparece en la Figura 1.

Figura 1.- Representación en forma de dendrograma de una matriz ultramétrica originada a partir de la matriz de distancias que aparecen en la Tabla 2 (las cifras que aparecen representan la pérdida de diversidad si el nodo correspondiente es eliminado).

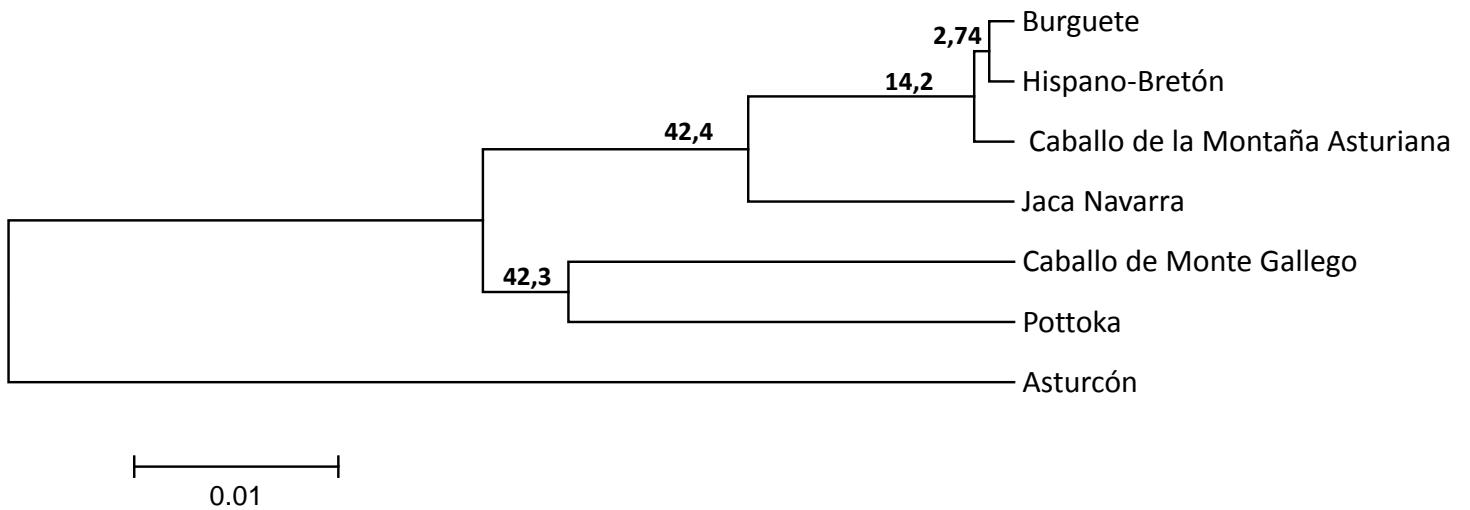


Tabla 4.- Diversidad aportada por cada una de las razas incluidas en el análisis.

Raza	Diversidad
Asturcón	42,7
Burguete	1,5
Hispano-Bretón	1,0
Jaca Navarra	14,0
Pottoka	22,2
Caballo de Monte Gallego	18,2
Caballo de la Montaña Asturiana	6,2

Como se observa en la Figura 1 y Tabla 4, el nodo que incluye las tres razas más próximas, Burguete, Hispano-Breton y Caballo de la Montaña Asturiana, aportaría el



14% del conjunto de la diversidad contemplando las razas incluidas en el trabajo, y concretamente el Caballo de la Montaña Asturiana aportaría el 6,2 % del conjunto de la diversidad.

En la Figura 2 representamos el resultado de un análisis multivariante de correspondencia en el que aparece la posición relativa en un plano de dos dimensiones formado por los ejes de mayor “inercia”, los cuales se obtienen ponderando la información que proporcionan los 20 microsatélites como variables explicativas.

En la imagen superior de la Figura 2 se aprecia claramente cómo el eje de mayor inercia discrimina tres razas o grupos de razas: el Asturcón, Jaca Navarra e Hispano-Bretón, y Burguete y Caballo de la Montaña Asturiana. Mientras que el eje 2, discrimina el grupo del Pottoka y Caballo de Monte Gallego del resto de razas.

Si centramos el foco en el conjunto de razas más próximas se genera la imagen inferior de la Figura 2, donde es posible observar cómo quedan agrupadas las muestras de cada una de las razas incluidas en el análisis.

Es interesante observar, en primer lugar la agrupación que se produce de las muestras por raza, y en segundo cómo las muestras del Caballo de la Montaña Asturiana figuran bien discriminadas respecto al resto de muestras de las otras razas, de tal forma que el eje de máxima inercia las discriminaría de las razas Hispano-Bretón y Jaca Navarra, mientras que el segundo eje tendría buena capacidad de discriminación con las muestras de la raza Burguete (Figura 2).

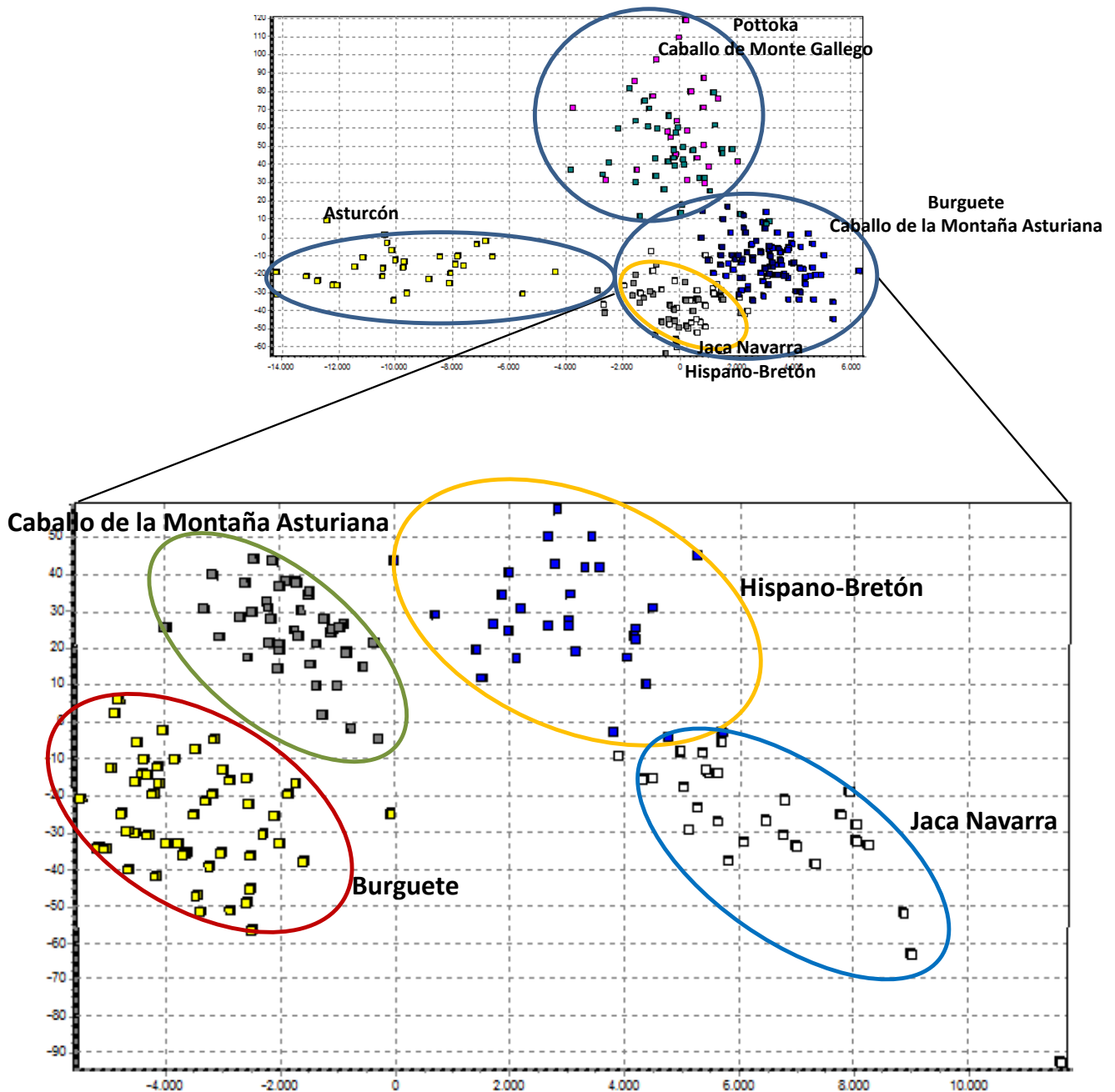
En el análisis de la estructura genética mediante el software STRUCTURE (Pritchard et al., 2000) se utilizó un modelo de ancestro común que asumía la existencia de mezclas entre las poblaciones, con un parámetro Diritchlet para el grado de mezcla de 1,0, se realizaron 30.000 ciclos para el período de “burnin” y 50.000 repeticiones MCMC.

Se realizaron 5 repeticiones para cada uno de los diferentes valores de k (número de orígenes considerados a priori) y se eligió una de las ejecuciones de entre las que



teniendo un valor de verosimilitud más reducido se repetía con mayor frecuencia la estructura del conjunto de poblaciones.

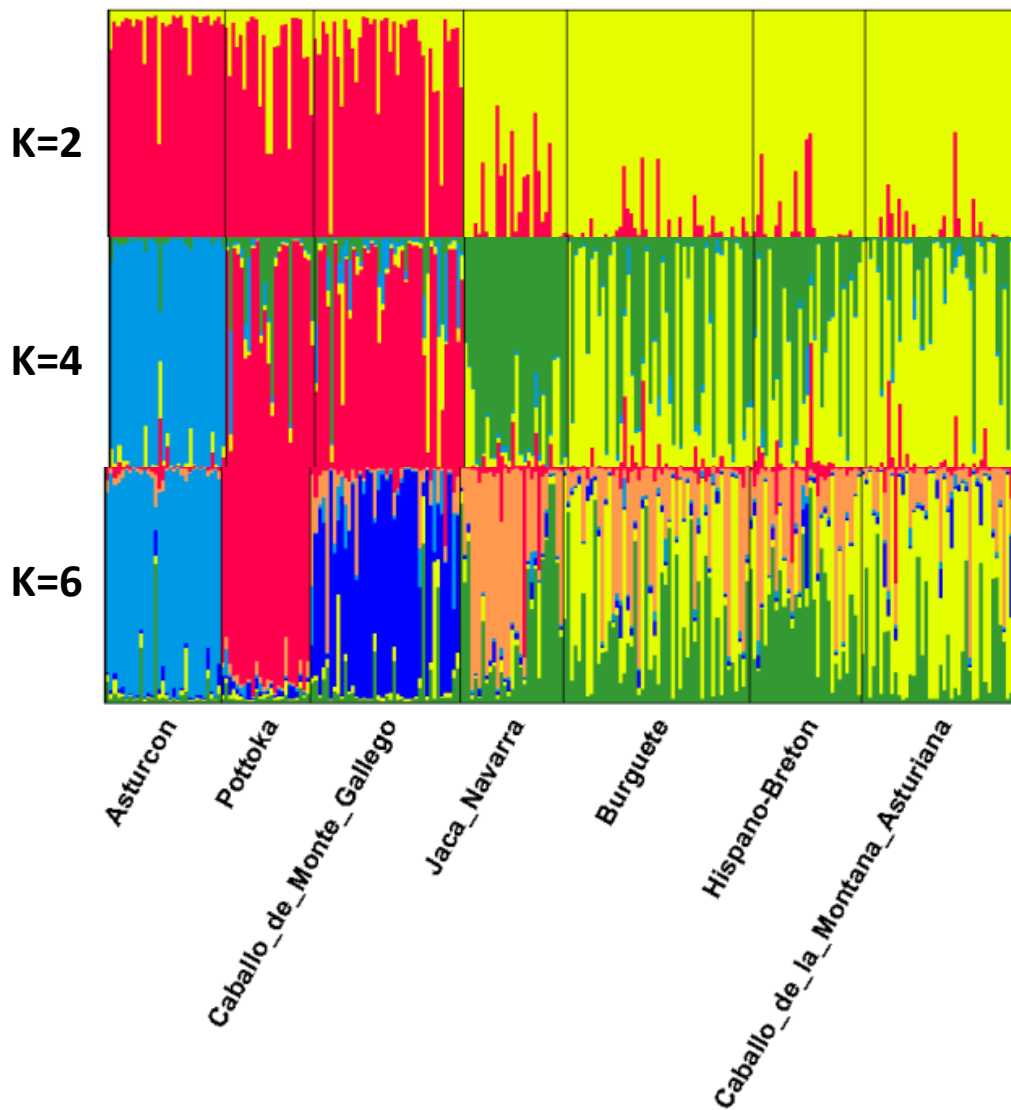
Figura 2.- Representación en dos dimensiones del análisis de correspondencia cuando tenemos en cuenta el conjunto de las 7 poblaciones (imagen superior) o sólo las cuatro más próximas (imagen inferior).





En la Tabla 5 figuran las proporciones de genoma de cada muestra que proviene de dos, cuatro o seis orígenes genéticos diferentes, y estas proporciones se pueden presentar en forma de gráfico, tal y como aparece en la Figura 3.

Figura 3.- Representación gráfica de las magnitudes que figuran en la Tabla 5.



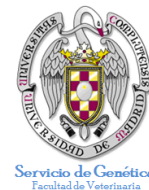


Tabla 5.- Proporción que de cada una de las poblaciones de caballos se asigna a cada uno de dos, cuatro o seis orígenes genéticos (en negrita los valores del Caballo de la Montaña Asturiana que comparte con las razas Burguete, Jaca Navarra e Hispano Bretón).

Raza	Orígenes genéticos		Orígenes genéticos				Orígenes genéticos					
	1	2	1	2	3	4	1	2	3	4	5	6
Asturcón	0,931	0,069	0,031	0,897	0,034	0,038	0,022	0,866	0,020	0,023	0,045	0,024
Pottoka	0,808	0,192	0,739	0,054	0,170	0,037	0,028	0,018	0,887	0,030	0,020	0,018
Caballo de Monte Gallego	0,815	0,185	0,747	0,081	0,084	0,088	0,669	0,059	0,039	0,105	0,075	0,052
Jaca Navarra	0,187	0,813	0,044	0,019	0,798	0,138	0,023	0,015	0,075	0,507	0,331	0,050
Burguete	0,085	0,915	0,042	0,024	0,407	0,527	0,024	0,019	0,026	0,252	0,300	0,379
Hispano-Bretón	0,106	0,894	0,053	0,026	0,445	0,476	0,031	0,018	0,047	0,262	0,375	0,267
Caballo de la Montaña Asturiana	0,088	0,912	0,065	0,021	0,198	0,716	0,041	0,015	0,035	0,133	0,195	0,581





Es fácil comprobar el patrón de comportamiento de la distribución del genoma entre los diferentes grupos genéticos. De manera general se puede decir que existe un origen común para Jaca Navarra, Burguete, Hispano-Bretón y Caballo de la Montaña Asturiana. Con el incremento en el número de orígenes genéticos que se consideran *a priori* aumenta la verosimilitud de los datos, lo que ocurre hasta un número de 6-7 grupos u orígenes genéticos. Tres de estos 6-7 orígenes genéticos corresponden a las razas Pottoka, Asturcón y Caballo de Monte gallego, los restantes tres o cuatro son consecuencia de la heterogeneidad que se observa en las razas que se asignan a esos orígenes genéticos. La información de la Tabla 5 se puede resumir de la siguiente forma, aproximadamente un 70-80 % del genoma del Caballo de la Montaña Asturiana comparte el mismo origen genético al que se asigna la mayor proporción del genoma de las razas Hispano-Bretón y Burguete, mientras que un 10-20 % compartiría un origen genético que es mayoritario en la raza Jaca Navarra y minoritario en las razas Hispano-Bretón y Burguete.

Genética de la coloración de capas y ambladura.-

En el caballo, al igual que en la mayoría de los vertebrados, la pigmentación de la piel y del pelo depende de los melanocitos que son células capaces de formar polímeros de tipo eumelanina o feomelanina. La dedicación de los melanocitos a la producción de eumelanina depende de la presencia de la hormona estimulante de melanocitos (α MSH) secretada por la glándula pituitaria. Los melanocitos tienen receptores de superficie que se unen a esta hormona. Cuando la α MSH se une a estos receptores de superficie se inicia una cascada de eventos que permite la activación de la enzima adenilato ciclasa que a su vez, estimula que el melanocito produzca eumelanina. En ausencia de esta señal, que es dependiente tanto de α MSH como de los receptores de superficie, los melanocitos producen feomelanina. El paso entre eumelanogénesis y feomelanogénesis depende de la función de los receptores de α MSH.

La mayoría de los conocimientos acerca de los melanocitos y la coloración de las capas provienen de la investigación de mutaciones en el ratón. Más de la mitad de estas



mutaciones han sido identificadas a nivel molecular, y caracterizadas. Debido a la naturaleza pleyotrópica de varios de los genes implicados, las mutaciones en éstos pueden también causar defectos orgánicos como megacolon, defectos de la cresta neural, anomalías sanguíneas, síntomas sistémicos, a menudo relacionados con riñones y pulmones, pudiendo también estar implicados en el comportamiento alimentario y respuestas inmunológicas. El control de la función del melanocito es complicado y muchos loci presentan alelos que afectan a diferentes componentes del mecanismo de control melanogénico. Algunos loci afectan a la morfología de los melanocitos o a su capacidad para depositar melanosomas en pelo y epidermis. Otros afectan directamente a varias enzimas y proteínas relacionadas, que son responsables de la melanogénesis. Unos pocos tienen mutaciones que afectan a la interacción de α MSH con los melanocitos diana. Todos estos loci interactúan para producir el fenotipo final de color. Las mutaciones del color de la capa han sido clasificadas en distintas categorías dependiendo de sus efectos sobre el melanocito:

- a) Desarrollo del melanocito y mantenimiento de las células madre: en esta categoría se incluyen los genes que están implicados en el desarrollo del melanocito/melanoblasto a través de sus efectos sobre la diferenciación, migración, supervivencia, proliferación y mantenimiento de las células madre. Las mutaciones mejor estudiadas dentro de esta categoría se encuentran en los genes KIT (receptor de tirosina quinasa) y KITL (ligando de KIT), y dan lugar a la aparición de manchas blancas en la capa de los caballos. También se incluyen aquí los genes: TRP2 o DCT (Dopachrome tautomerasa) que produce la dilución del pigmento eumelanina; MITF, EDN3, EDNBRB, PAX3 y SOX10 que generan manchas blancas-; BCL2 – encanecimiento del pelo-; SNAI2 –manchas blancas y dilución de la capa-.
- b) Formación de melanosomas: aunque en ratón se han descrito mutaciones en distintos genes implicados en la formación de los melanosomas, hasta ahora no se han asociado mutaciones en este grupo de genes con la coloración de las capas en el caballo.
- c) Función del melanosoma: otra clase de mutaciones se encuentran en genes que codifican proteínas localizadas en el melanosoma, fundamentalmente en el eumelanosoma, donde funcionan como componentes estructurales, proteínas de membrana todavía de función desconocida, o como enzimas para la síntesis de



pigmento. Uno de los más interesantes es el gen SILVER (también conocido como PMEL17) que constituye un componente importante de las estructuras fibrilares de los eumelanosomas, las cuales se cree que forman la base sobre la que se deposita la melanina. Las enzimas que catalizan la formación de melanina a partir del aminoácido tirosina son codificadas por el gen albino TYR (tirosinasa), el gen pizarra (slaty) DCT y el gen marrón TYRP1 (proteína 1 relacionada con la tirosinasa). Mutaciones en el gen underwhite (uw) SLC45A2 (también conocido como MATP), que codifica una proteína transmembrana probablemente con función transportadora, dan lugar a una gran dilución de la capa. Otra proteína también localizada en el melanosoma es SLC24A5 (también conocida como Mart1); ha sido relacionado con el locus dorado en el pez cebra y la piel clara en humanos. En caballos, una mutación en el gen SLC36A1 ha sido asociada con la capa champagne.

d) Transporte del melanosoma: esta clase de mutaciones afectan al transporte de los melanosomas desde la región perinuclear del melanocito a las puntas de las dendritas, donde son exportados a los queratinocitos adyacentes. Se engloban en esta categoría mutaciones en los genes MLPH, MYO5A, MYO7A o RAB27A y permiten que los melanosomas se acumulen en la región perinuclear de la célula, resultando en la disminución de la pigmentación visible del pelo o dilución de la capa. Por el contrario, el gen supresor de la dilución WDT2, revierte los efectos de dilución producidos por los genes anteriores (no los de otros genes), aunque todavía no se conoce el mecanismo a través del cual produce este efecto.

e) Regulación del tipo de pigmento: un grupo interesante de mutaciones del color de la capa codifican proteínas que regulan que tipo de pigmento, eumelanina o feomelanina, es sintetizado por la célula en un momento determinado. La capa salvaje del ratón es de color agoutí –el pelo presenta bandas de distintos colores donde las puntas tienen eumelanina negra, el centro tiene feomelanina y la base tiene de nuevo eumelanina-. La conformación de esas bandas está regulada fundamentalmente por el gen extensión MC1R (receptor de melanocortina 1) y sus ligandos, α MSH codificada por el gen POMC1 (pro-opiomelanocortina 1) y el gen agoutí ASIP (proteína de señalización de agoutí). En ratón se han descrito aproximadamente 100 alelos en el gen ASIP con distintos efectos sobre el fenotipo. La pérdida de función de este gen da lugar a la capa negra, mientras que mutaciones



dominantes, como por ejemplo la expresión ectópica de ASIP, producen capas amarillas. En el caso del MC1R, la pérdida de su función da lugar también a capas amarillas. La pérdida de función del gen POMC1 produce capas marrones. Otros genes también producen cambios en el tipo de pigmento sintetizado, dando lugar al color caoba o mahogany –gen attractin ATRN- y el mahoganoide –gen mahogunin MGRN1-, ambos genes implicados en la ruta de señalización del ASIP.

En la especie equina, los genes más comúnmente analizados son:

- los del grupo de regulación del tipo de pigmento que generan las capas básicas (Gen Extensión o MC1R y gen Agouti) que dan lugar a las capas negra, castaña y alazana.
- el transporte del melanosoma que produce las capas diluidas (Gen MATP o cream, Prl o perla, Ch o champagne, PMEL17 o silver) que dan lugar a las capas baya, perla, palomino, cremello, perlino, negro cenizo, isabelo, champagne, silver).
- Otro de los genes de dilución es el gen Grey o Tordo que es de efecto dominante por lo que los individuos portadores de un alelo mutado tendrán la capa torda independientemente de su genotipo en los demás genes. Se trata de una duplicación en el gen STX17.
- Genes responsables de capas pintas que dan lugar al tobiano, overo, sabino

De esta manera, los caballos tendrán capas en función de esos genes siguiendo la tabla que aparece más abajo.

COLOR CAPA	ASIP	MC1R	CREMA	PERLA	CHAMPAGNE	TORDO
ALAZAN	–/–	e e	C C	N N	ch ch	gg
CASTAÑO	A/–	E/–	C C	N N	ch ch	gg
NEGRO	a a	E/–	C C	N N	ch ch	gg
PALOMINO	–/–	e e	C Cr	N N	ch ch	gg
BAYO	A/–	E/–	C Cr	N N	ch ch	gg
NEGRO CENIZO	a a	E/–	C Cr	N N	ch ch	gg
CREMELLO	–/–	e e	Cr Cr	N N	ch ch	gg
PERLINO	A/–	E/–	Cr Cr	N N	ch ch	gg
CREMA CENIZO	a a	E/–	Cr Cr	N N	ch ch	gg
PERLA	–/–	–/–	C C	Prl Prl	ch ch	gg
FALSO ALBINO	–/–	–/–	C Cr	N Prl	ch ch	gg
TORDO	–/–	–/–	–/–	–/–	–/–	G/–



Resultados en el Caballo de la Montaña Asturiana.-

Coloraciones básicas de la capa.-

El análisis de los loci MC1R, Agoutí, Grey, MATP y Perla en los caballos de la Montaña Asturiana se puede observar en la Tabla 6.

Tabla 6.- Frecuencias genotípicas en cinco genes que determinan capas de coloraciones básicas y diluciones en el Caballo de la Montaña Asturiana

	Genotipos	%
Grey	GG	0
	Gg	0
	gg	100
MC1R	EE	30,4
	Ee	56,5
	ee	13,1
Agouti	AA	41
	Aa	45
	aa	14
MATP	CC	83,75
	CCr	6,25
	CrCr	0
Perla	NN	100
	NPrI	0
	Prl PrI	0

La mayoría de los caballos son castaños (73%), alzanes (13%), negros (9%) o bayos (5%).



Ambladura.-

La locomoción en mamíferos depende de circuitos centrales de interneuronas espinales que coordinan el movimiento de las extremidades. Estos circuitos producen la alternancia izquierda-derecha de las extremidades así como la activación coordinada de los músculos flexor y extensor. Una mutación en el gen DMRT3 determina la capacidad de un individuo para amblar. La mutación descrita permite en el individuo que la porta, generar pasos alternativos, por lo que en el trote, en vez de realizar un movimiento contralateral, ese caballo produce un movimiento ipsilateral llamado ambladura facilitando las marchas laterales e inhibiendo la transición del trote o paso al galope. El análisis de ese gen detecta la presencia del alelo que tiene más impacto en la marcha y coordinación en los caballos. La detección del alelo mutado permite identificar la capacidad innata de los animales para amblar.

En las muestras analizadas, se ha detectado un 10% de individuos portadores de la mutación recesiva que genera la capacidad de amblar, permaneciendo el 90% restante carente de dicha mutación.

Bibliografía citada.-

Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F. 2001. Genetix, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations, Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UPR 9060; Université de Montpellier II: Montpellier, France. Available online: <http://www.genetix.univ-montp2.fr/genetix/intro.htm>.

Cañon J, Checa ML, Carleos C, Vega-Pla, JL, Vallejo M, Dunner S. 2000. The genetic structure of Spanish Celtic horse breeds inferred from microsatellite data. *Animal Genetics*, 31: 39-48.

FAO. 1993. *Secondary guidelines: measurement of domestic animal diversity (MoDAD)*. Roma.

FAO. 2011. *Molecular genetic characterization of animal genetic resources*. FAO, Roma.



Groeneveld LF, Lenstra JA, Eding H, Toro MA, Scherf B, Pilling D, Negrini R, Jianlin H, Finlay EK, Groeneveld E, Weigend S, & the GlobalDiv Consortium. 2010. Genetic diversity in livestock breeds. *Animal Genetics*, 41(suppl. 1): 6–31.

Goudet J. 2001. FSTAT, A Program to Estimate and Test Gene Diversities and Fixation Indices (Version 2.9.3.2). University of Lausanne: Lausanne, Switzerland. Available online: <http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>.

Marletta D, Tupac-Yupanqui I, Bordonaro S, García D, Guastella AM, Criscione A, Cañón J, Dunner S. 2006. Analysis of genetic diversity and the determination of relationships among western Mediterranean horse breeds using microsatellite markers. *J Anim Breed Genet*. 123:315-25.

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. 2000. Inference of population structure from multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945-959.

Tamura K, Dudley J, Nei M, Kumar S. 2007. MEGA4: Molecular Evolutionary Genetics Analysis (MEGA) software version 4.0. *Mol. Biol. Evol.*, 24, 1596-1599.

Weitzman M. 1992. On diversity, *Quart. J. Econ.*, 107,363-405.

Weitzman M. 1993. What to preserve? An application of diversity theory to crane conservation, *Quart. J. Econ.*, 108, 157-183.

Conclusiones.-

Se trata de una población que comparte orígenes genéticos con un conjunto de caballos, razas autóctonas reconocidas como tales, habituales del tercio norte de España, Jaca Navarra, Burguete e Hispano-Bretón, pero con unas características diferenciadas, probablemente debido a ser el resultado de una combinación de genomas provenientes de las poblaciones antes citadas en la que el azar y prioridades de los criadores sobre determinados caracteres visibles han dado lugar a las características genéticas observadas.



La mayoría del genoma de esta población (70-80 %) comparte orígenes genéticos con lo que también es grupo genético mayoritario común para el Burguete y el Hispano-Bretón, mientras que para el 10 y 20 % del genoma del Caballo de la Montaña Asturiana el origen es compartido por el que resulta mayoritario en Jaca Navarra.

El Caballo de la Montaña Asturiana, aunque mayoritariamente de capa castaña, incluye proporciones significativas de capas alazanas y negras, incluso se presentan diluciones como el bayo.

Se encuentra en una proporción reducida pero significativa la mutación que es responsable de la capacidad de amblar, carácter de gran relevancia en algunas razas de paso actualmente en Iberoamérica.

