

Caracterización genética del Ca Rater Mallorquí con microsatélites

Aguilera, L.S.¹; Canales A.^{1,2,*}; Pons, A.³; Delgado, J.V.¹ y Martínez, A.M.¹

¹ Departamento de genética. Universidad de Córdoba. Córdoba. España.

² Animal Breeding Consulting SL. Córdoba. España.

³ Serveis de Millora i Pesquera. Palma. Illes Balears. España.

PALABRAS CLAVE

Marcadores moleculares.
Diferenciación genética.
Estructura poblacional.
Distancia genética.
Razas caninas.

ADDITIONAL KEYWORDS

Molecular markers.
Genetic diversity.
Population genetic structure.
Genetic distance.
Dog breeds.

INFORMATION

Cronología del artículo.
Recibido/Received: 11.04.2019
Aceptado/Accepted: 10.10.2022
On-line: 15.10.2022
Correspondencia a los autores/Contact e-mail:
mcanales87@hotmail.com

RESUMEN

En este estudio se realiza la caracterización genética de la raza canina Ca Rater Mallorquí, cuya función original era la caza de pequeños mamíferos. El objetivo es analizar la diferenciación genética intrarracial e interracial, comparando esta raza con otras razas con la misma distribución y que comparten o no la misma funcionalidad. En el estudio intrarracial, se analizan 33 microsatélites recomendados por la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG), en 79 muestras obtenidas de varios propietarios de la isla de Mallorca. Para el estudio de la diversidad genética interracial, se utilizan datos de 275 muestras procedentes de 5 razas caninas de las islas Baleares: Ca Mè Mallorquí, Ca de Bou, Ca de Bestiar, Ca de Conills de Menorca y Ca Eivissenc (Podenco Ibicenco). Se lleva a cabo la extracción siguiendo el método de Walsh. Se amplifican los microsatélites mediante PCR y la detección de polimorfismos se hace con un secuenciador automático capilar. La población no muestra una desviación significativa del equilibrio Hardy-Weinberg, con una HO de 0,656 y una HE de 0,685. El estadístico FST, mostró que un 13,10% de la diferenciación genética se debe a diferencias entre razas. El análisis de la estructura genética evidenció la diferenciación del Ca Rater Mallorquí del resto de las razas, sin subestructura evidente. Como conclusión, el Ca Rater Mallorquí muestra una elevada diversidad genética, es una raza definida y genéticamente homogénea que no muestra signos de cruzamiento con el resto de las razas incluidas en el estudio. Estos resultados proporcionan un conocimiento esencial de la situación genética del Ca Rater Mallorquí y es un punto de partida para el diseño e implementación de un plan de conservación de la raza.

Genetic characterization of Ca Rater Mallorqui dog using microsatellites

SUMMARY

This study deals with the genetic characterisation of the dog Ca Rater Mallorquí, whose former function was hunting small mammals. The aim of this study is to analyse the within and between breed genetic diversity and genetic differentiation by comparing this population with other breeds with the same geographical distribution and functional characteristics. Thirty-three microsatellites recommended by the International Society of Animal Genetics (ISAG) were analysed in 79 samples. The between-breeds genetic diversity study was carried out with data obtained from 275 samples of 5 Balearic dog breeds: Ca Mè Mallorquí, Ca de Bou, Ca de Bestiar, Ca de Conills de Menorca and Ca Eivissenc (Podenco Ibicenco). The population has not a significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium, with an HO of 0.656 and an HE of 0.685. The FST statistic showed that 13,10% of the genetic differentiation is due to between-breed differences. The analysis of the genetic structure clearly showed the differentiation of the Ca Rater Mallorquí from the rest of breeds, without any evident signs of substructure. In conclusion, the Ca Rater Mallorquí presents a high genetic diversity, it is a defined and genetically homogeneous breed that shows no signs of crossbreeding with the rest of the breeds included in the study. These results provide essential knowledge of the genetic situation of the Ca Rater Mallorquí and constitute a starting point for the design and implementation of a conservation plan for the breed.

INTRODUCCIÓN

El Ca Rater Mallorquí es una raza de perro ratonero originario de la isla de Mallorca, sin encontrarse en sus

orígenes en las demás islas Baleares. Se trata de un perro de caza, sobre todo de pequeños mamíferos como ratas y conejos. Además, en un contexto más popular se le ha denominado *eriçoner*, ya que es muy probable

que los erizos haya sido su presa más asequible. Debido a las características morfológicas que presenta la raza, se la vincula con dos grupos muy antiguos de perros: los llamados “perros de origen faraónicos” y los que se conocen en inglés con el sufijo “terrier” (Club del Ca Rater Mallorca, 2010).

Con relación a sus orígenes, la información que se tiene data de tan solo unos 160 años de antigüedad. Se encuentra fuertemente ligado con el ratonero Valenciano, teniendo historias entrecruzadas en su pasado ya que se asocia la llegada de arroceros procedentes de Valencia a Mallorca, que llevaron consigo a sus propios perros. También, se conoce la historia inversa, en la que se produjo en el siglo XVII una repoblación de pueblos valencianos, como Taberna, con ciudadanos de Baleares que también habrían llevado consigo a sus perros (Payeras *et al.*, 1998; Payeras, 2002; GOIB, n.d.).

Los rasgos más destacables de su patrón racial (Orden APA/807/2004 de 24 de marzo, 2007) son la altura, que no llega a los 40 cm, siendo la más común entre 32 y 36 cm en machos, y entre 29 y 33 cm en hembras. Con respecto a su peso, éste es reducido: de 3,5 a 5 kg en los machos y de 3 a 4 kg en las hembras. Es un perro rectilíneo, brevilineo, no tiene cola y su capa viene genéticamente determinada por series alélicas: agutí, marrón y self.

Según Alanzor *et al.*, (2020), el censo más actual es de 2009 y cuenta con 363 animales registrados, siendo 146 de ellos fundadores de la raza. El máximo de progenie por macho es 72 y de hembra es 33, en la actualidad. El máximo de nacimientos se encontró en los años 2003 y en 2007. Desde 2011 se está observando un descenso continuado en su número. Aun así, se ha conservado de forma equilibrada, ya que siempre se ha querido mantener en pureza, gracias a su funcionalidad y a que la selección del rendimiento puede contribuir al mantenimiento de la diversidad.

La Internacional Society of Animal Genetics (ISAG) ha desarrollado una lista de microsatélites recomendados para el análisis de diversidad genética y para control de filiación en la especie canina (Scientific y Haeringen, 2019). Se trata de un panel principal con 21 marcadores y un panel adicional de 12 marcadores más. Los 33 microsatélites cumplen con los requisitos de la FAO para este tipo de paneles. Son abundantes los estudios de diversidad genética de razas caninas realizados con microsatélites, tanto a nivel internacional (Parker *et al.*, 2004; Pedersen *et al.*, 2013; Bigi *et al.*, 2018) como a nivel nacional (Parra *et al.*, 2008; Suárez *et al.*, 2013; San José *et al.*, 2018).

El Ca Rater Mallorca está registrado en el sistema DAD-IS de la FAO como una raza de perros cuyo estado de conservación se desconoce y que no tiene establecido ningún programa de conservación (<http://www.fao.org/dad-is/browse-by-country-and-species/es/>). El objetivo principal de este trabajo es realizar la descripción comparativa de la población con marcadores moleculares (microsatélites) para definir la diversidad genética de la raza Ca Rater Mallorca, como un primer paso para establecer un programa de conservación, según lo recomendado por la FAO. Para ello se estudiará la diversidad genética y estructura

intra racial de la raza canina Ca Rater Mallorca, así como la diversidad genética interracial, para conocer el posicionamiento genético del Ca Rater Mallorca con respecto a otras razas caninas de las Islas Baleares.

MATERIAL Y MÉTODOS

MUESTREO

Se analizan 79 muestras de pelo de animales de la raza Ca Rater Mallorca que fenotípicamente cumplen con el patrón racial. Las muestras se han recogido en distintos concursos morfológicos o exhibiciones organizadas por el Club del Ca Rater Mallorca y han sido enviadas al laboratorio en sobres de papel individuales y debidamente etiquetados con una numeración específica en la que se recoge toda la información del animal al que pertenece cada muestra: identificación del animal, sexo, fecha de nacimiento, explotación, propietario, localidad, datos genealógicos, etc. Todas las muestras provienen de la Isla de Mallorca y han sido obtenidas por veterinarios especializados durante su práctica rutinaria encuadrada en programas oficiales de identificación y saneamiento.

Para los estudios de diferenciación genética interracial se emplearon datos de otras 275 muestras de 6 razas de las Islas Baleares del Banco de Muestras del Laboratorio de Genética Molecular Aplicada del Grupo de Investigación PAIDI-AGR-218 de la Universidad de Córdoba. Las razas empleadas y el número de muestras por raza son: Ca Mè Mallorca (73), Ca de Bou (53), Ca de Bestiar (57), Ca de Conills de Menorca (45) y Ca Eivissenc (47).

El ADN se ha extraído mediante el método descrito Walsh *et al.* (1991), usando 5 pelos con bulbo capilar visible por animal y 100 µL de Chelex-100® (Bio-Rad, Laboratories, Inc. España) e incubando 15 min a 95°C, 20 min a 60°C y 5 min a 99°C en un bloque térmico.

AMPLIFICACIÓN DE LOS MICROSATÉLITES

En la **tabla I**, se observan los marcadores empleados que son: AHT121, AHT137, AHT130, AHT171, AHT260, AHTk211, AHTk253, CXX279, FH2848, FH2054, INRA021, INU005, INU030, INU055, REN105L03, REN162C04, REN169D01, REN169O18, REN247M23, REN54P11, REN64E19, 2642RD, 1404RD, 1878RD, 0914RD, 2469RD, 0176RD, 0959RD, 0323RD, 0669RD, 0123RD, 1055RD y 1257RD. Son los recomendados por la ISAG (Sociedad Internacional de Genética Animal) para estudios de diversidad y filiación en perros (<https://www.isag.us/Docs/AppGenCompAnim2019.pdf>).

Los microsatélites se amplifican en varias reacciones multiplex mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Para un volumen final de 10 µL, se añaden 6 µL de Master Mix (2 µL de MyTAQ 5X, 0,1 µL de MYTAQ HS, 0,5 µL de Betaína 2,7 mM y 3,4 µL de agua destilada por muestra), 2 µL de cada Primer Mix (primers diluidos en Tris 10nM a concentraciones entre 0,2 y 0,7 µM) y 2 µL de ADN (previamente diluido en 100 µL de agua destilada). Los fragmentos obtenidos de la PCR se separan mediante una electroforesis utilizando un secuenciador automático capilar ABI3130XI

Tabla I. Microsatélites analizados, Número de alelos detectados (NA), Número efectivo de alelos (Ae), Heterocigosidad observada (Ho) y esperada (He), Contenido de Información Polimórfica (PIC), valores de Fis, su intervalo de confianza y desviación del equilibrio Hardy-Weinberg (HW) (Microsatellites analyzed, Number of alleles detected (AN), Effective number of alleles (Ae), Observed heterozygosity (Ho) and expected (He), Polymorphic Information Content (PIC), Fis values, their confidence interval and deviation from the Hardy-Weinberg equilibrium (HW)).

Microsatélite	NA	Ae	H _O	H _E	PIC	F _{IS}	F _{IS} IC	HW
AHT121	9	4,53	0,813	0,785	0,756	-0,349	(-0,138-0,064)	NS
AHT137	7	3,86	0,698	0,747	0,710	0,066	(-0,909-0,204)	NS
AHTh130	10	5,98	0,783	0,840	0,812	0,068	(-0,064-0,177)	NS
AHTh171	9	5,21	0,828	0,815	0,782	-0,017	(-0,121-0,080)	NS
AHTh260	7	2,68	0,688	0,631	0,573	-0,090	(-0,231-0,045)	NS
AHTK211 1	5	3,59	0,683	0,727	0,675	0,062	(-0,076-0,196)	NS
AHTK253	5	3,82	0,778	0,744	0,694	-0,046	(-0,177-0,080)	NS
CXX279	6	5,64	0,758	0,829	0,797	0,086	(-0,033-0,209)	*
FH2054	8	3,89	0,719	0,749	0,705	0,041	(-0,103-0,176)	NS
FH2848	7	3,68	0,661	0,734	0,687	0,099	(-0,055-0,234)	NS
INRA21	7	3,06	0,688	0,679	0,623	-0,013	(-0,172-0,142)	NS
INU005	5	2,42	0,656	0,591	0,532	-0,111	(-0,285-0,054)	NS
INU030	4	2,52	0,500	0,607	0,553	0,178	(0,012-0,313)	NS
INU055	6	2,01	0,531	0,507	0,461	-0,049	(-0,209-0,120)	NS
REN105L03	9	3,46	0,703	0,717	0,674	0,019	(-0,139-0,165)	NS
REN162C04	6	4,49	0,844	0,783	0,741	-0,078	(-0,192-0,036)	NS
REN169D01	8	5,60	0,688	0,828	0,799	0,171	(0,036-0,292)	NS
REN169O18	9	5,34	0,844	0,819	0,790	-0,030	(-0,137-0,066)	NS
REN247M23	6	3,17	0,656	0,690	0,638	0,049	(-0,095-0,280)	NS
REN54P11	11	2,73	0,563	0,639	0,618	0,120	(-0,018- 0,244)	NS
REN64E19	8	2,93	0,597	0,664	0,629	0,102	(-0,069-0,261)	NS
0123RD	6	3,22	0,656	0,695	0,654	0,057	(-0,075- 0,183)	NS
0176RD	8	4,00	0,780	0,757	0,714	-0,031	(-0,146-0,067)	NS
0323RD	4	2,39	0,645	0,587	0,526	-0,100	(-0,282- 0,056)	NS
0669RD	11	7,07	0,964	0,866	0,843	-0,113	(-0,188- -0,042)	*
0914RD	4	1,94	0,353	0,489	0,453	0,280	(0,022-0,510)	*
0959RD	2	1,62	0,161	0,386	0,310	0,584	(0,324-0,803)	***
1055RD	2	1,34	0,234	0,255	0,221	0,081	(-0,156-0,365)	NS
1257RD	6	2,93	0,581	0,664	0,601	0,127	(-0,031-0,279)	NS
1404RD	7	3,38	0,594	0,710	0,668	0,165	(-0,008-0,325)	NS
1878RD	6	3,60	0,581	0,728	0,681	0,204	(0,044-0,363)	NS
2469RD	4	2,93	0,661	0,665	0,591	0,005	(-0,167-0,152)	NS
2642RD	6	2,98	0,734	0,669	0,611	-0,098	(-0,249-0,039)	NS
MEDIA	6,61	3,58	0,656	0,685	0,640	0,044	(-0,002-0,073)	

(ThermoFisher Scientific, Spain) utilizando Genescan® 500 HD LIZ Orange Size estándar (ThermoFisher Scientific, Spain) como estándar de tamaños. El genotipado se realiza con los programas informáticos: GENESCAN ANALYSIS v 3.1.2 (ThermoFisher Scientific, Spain) y GENOTYPER v 2.5 (ThermoFisher Scientific, Spain).

ANÁLISIS ESTADÍSTICO

Se estudia tanto la diversidad genética intraracial como las relaciones genéticas del Ca Rater Mallorquí con otras razas baleares. Se utiliza el complemento de Excel MICROSATELLITE TOOLKIT (Park, 2001) para calcular el número de alelos medio por *locus* (MNA)

y las frecuencias alélicas de los microsatélites. Con el programa CERVUS v 3.1 (Marshall *et al.*, 1998), se calculan la heterocigosidad esperada, observada y el PIC (contenido de información polimórfica) por marcador. Con el programa POPGENE v 1.32 (Yeh *et al.*, 1999), se calcula el número efectivo de alelos. Se examinan las desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg (HW) con el programa GENEPOP v 3.1c (Raymond y Rousset, 1995). Con el programa GENETIX v 4.05 (Belkhir *et al.*, 2004) se obtienen los valores de los estadísticos F de Weir y Cockerham (1984): F_{IS} (coeficiente de consanguinidad o diferenciación entre individuos de la misma subpoblación) con un intervalo de con-

fianza del 95%, F_{IT} la diferenciación entre individuos en relación con la población total y F_{ST} la diferenciación entre poblaciones. Se realiza un Análisis Factorial de Correspondencia Con el programa GENETIX v 4.05 (Belkhir *et al.*, 2004). Con del programa POPULATIONS v 1.2.28 (Langella, 1999), se calculan las distancias genéticas individuales D_{AS} (Bowcock *et al.*, 1994) entre todos los individuos de las 6 poblaciones Baleares y las distancias de Reynolds (Reynolds *et al.*, 1983) entre pares de poblaciones. Además, con este programa se construyen dendrogramas Neighbor-Joining. Para visualizar los dendrogramas se emplea el programa TREEVIEW v 1.6.6 (Page, 1996).

Usando el programa STRUCTURE v 2.1 (Pritchard *et al.*, 2000), con un algoritmo bayesiano iterativo, se estudia la estructura genética de las poblaciones dividiendo los individuos en clústeres (K) con aquellos individuos que comparten patrones de variación similares (Porrás-Hurtado *et al.*, 2013). Se crean tantos clústeres como poblaciones existan más una, para poder diferenciar estructuras internas en el caso de que las hubiese. En el caso del estudio de las razas de Baleares se hace desde $K = 2$ hasta $K = 7$, un periodo de burn-in de 200000 y 500000 iteraciones, haciendo 10 repeticiones de cada K.

Por último, se calcula el K óptimo según el método de Evanno *et al.*, (2005) con el programa STRUCTURE HARVESTER v 0.6.94 (Earl y vonHoldt, 2012) a partir de los resultados obtenidos del programa STRUCTURE. El programa CLUMPAK v 1.1 (Kopelman *et al.*, 2015) se emplea para visualizar gráficamente los resultados de estructura genética.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

DIVERSIDAD GENÉTICA INTRARACIAL DEL CA RATER MALLORQUÍ.

Todos los marcadores son polimórficos y se ha observado un mínimo de 2 alelos en los marcadores 0959RD y 1055RD y un máximo de 15 alelos en el marcador REN169O18. En general, se observa diversidad alélica moderada comparado con razas coreanas con menor diversidad, en las cuales CXX279 and AHT121 tienen el máximo con 10 alelos e INRA21 y AHTk211 los mínimos con 5 alelos (Lee *et al.*, 2014). En razas portuguesas se encontró mayor diversidad, con un mínimo de alelos en 6 (CXX109 y CXX225) y un máximo es 33 (FH2159) (Pires *et al.*, 2009) (Tabla I). Considerando los valores de PIC, la mayoría de los marcadores son muy informativos ($PIC > 0,5$). Por otra parte, al examinar los valores de F_{IS} se observa que los marcadores REN169D0, 0959RD y 0914RD presentan un exceso significativo de homocigotos mientras que el marcador 0669RD muestra un defecto significativo de homocigotos. El resto de los microsatélites presentan valores no significativos de F_{IS} .

Para examinar la variabilidad genética de las poblaciones es de gran utilidad considerar el promedio medio de alelos. En el caso del Ca Rater Mallorquí este valor es de 6,61. Al comparar con otras razas, este promedio de alelos es inferior al encontrado en el Podenco Valenciano con 7,9 (San José *et al.*, 2018), al del Ratonero Palmero con 11,3 (Suárez *et al.*, 2013) o en

la raza coreana Jindo (Lee *et al.*, 2014) con un valor de 8,8. Por otro lado, el valor encontrado en el Ca Rater Mallorquí es similar al del Perro de Agua Español con 6,0 (Méndez *et al.*, 2011) y superior a su vecino isleño Ca de Bou con un valor de 5,05 (Pons *et al.*, 2016) o los perros ingleses Golden Retriever (4,40) y Border Collie que es 5,5 (Lee *et al.*, 2014).

En cuanto al número efectivo de alelos, el Ca Rater Mallorquí mostró un valor de 3,58, que se considera un valor medio-alto en comparación con perros de muestra cuyo valor es mayor (4,3) (Parra *et al.*, 2008) y con otros perros con valores inferiores como el Bulldog Inglés (2,7) (Pedersen *et al.*, 2016), el Chihuahua (3,86) o el Pastor Caucásico (3,47) (Czyż *et al.*, 2016).

Las heterocigosidades esperadas y observadas, que en el Ca Rater Mallorquí son 0,685 y 0,656 respectivamente. Estos valores son inferiores a los encontrados en el Podenco Valenciano ($H_E = 0,791 / H_O = 0,714$) (San José *et al.*, 2018), Ratonero Palmero ($H_E = 0,748 / H_O = 0,631$) (Suárez *et al.*, 2013), Jindo ($H_E = 0,7839 / H_O = 0,7000$) (Lee *et al.*, 2014), Perro de Agua Español ($H_E = 0,72 / H_O = 0,65$) (Méndez *et al.*, 2011). Razas relacionadas con Golden Retriever ($H_E = 0,6572 / H_O = 0,5667$) y Border Collie ($H_E = 0,6329 / H_O = 0,6500$) mostraron heterocigosidades más bajas que las encontradas en el Ca Rater Mallorquí (Lee *et al.*, 2014). Atendiendo a estos resultados, se concluye con que el Ca Rater Mallorquí tiene una diversidad genética moderada.

Solo tres microsatélites muestran una desviación significativa del equilibrio Hardy-Weinberg. Además, el valor de F_{IS} es 0,044 (-0,002 - 0,073), lo que indica que la población no muestra una desviación significativa del equilibrio Hardy-Weinberg.

DIVERSIDAD GENÉTICA INTERRACIAL.

Para realizar este estudio se compara el Ca Rater Mallorquí con las razas de Baleares Ca Mè Mallorquí, Ca de Bou, Ca de Bestiar, Ca Eivissenc y Ca de Conills de Menorca.

Los valores de los estadísticos F entre las 6 razas caninas estudiadas son $F_{IS} = 0,021$ (0,019-0,050), $F_{IT} = 0,149$ (0,157-0,191) y $F_{ST} = 0,131$ (0,130-0,160). El valor de F_{ST} indica que aproximadamente el 13% de la variación genética total se debe a diferencias entre las razas raza, y el 87% restante corresponde a diferencias entre individuos. Este valor es superior al reportado en razas finas (Koskinen y Bredbacka, 2000), en perros guardianes (Bigi *et al.*, 2018) y en razas inglesas (Mellanby *et al.*, 2013), e inferior al encontrado entre razas portuguesas (Pires *et al.*, 2009).

El Análisis Factorial de Correspondencia (Figura 1) muestra una clara separación entre los individuos de las razas Ca Rater, Ca Mè Mallorquí, Ca de Bou y Ca de Bestiar frente a las razas de Ca Eivissenc y Ca de Conills de Menorca que forman un solo grupo en todos los ejes considerados. La suma de los tres primeros ejes explica un 72,03% de la diferenciación genética total.

En la representación gráfica de la distancia de Reynolds (Figura 2), se distinguen tres grupos, cada uno con dos razas. Al igual que apreciaba en el AFC, se ve

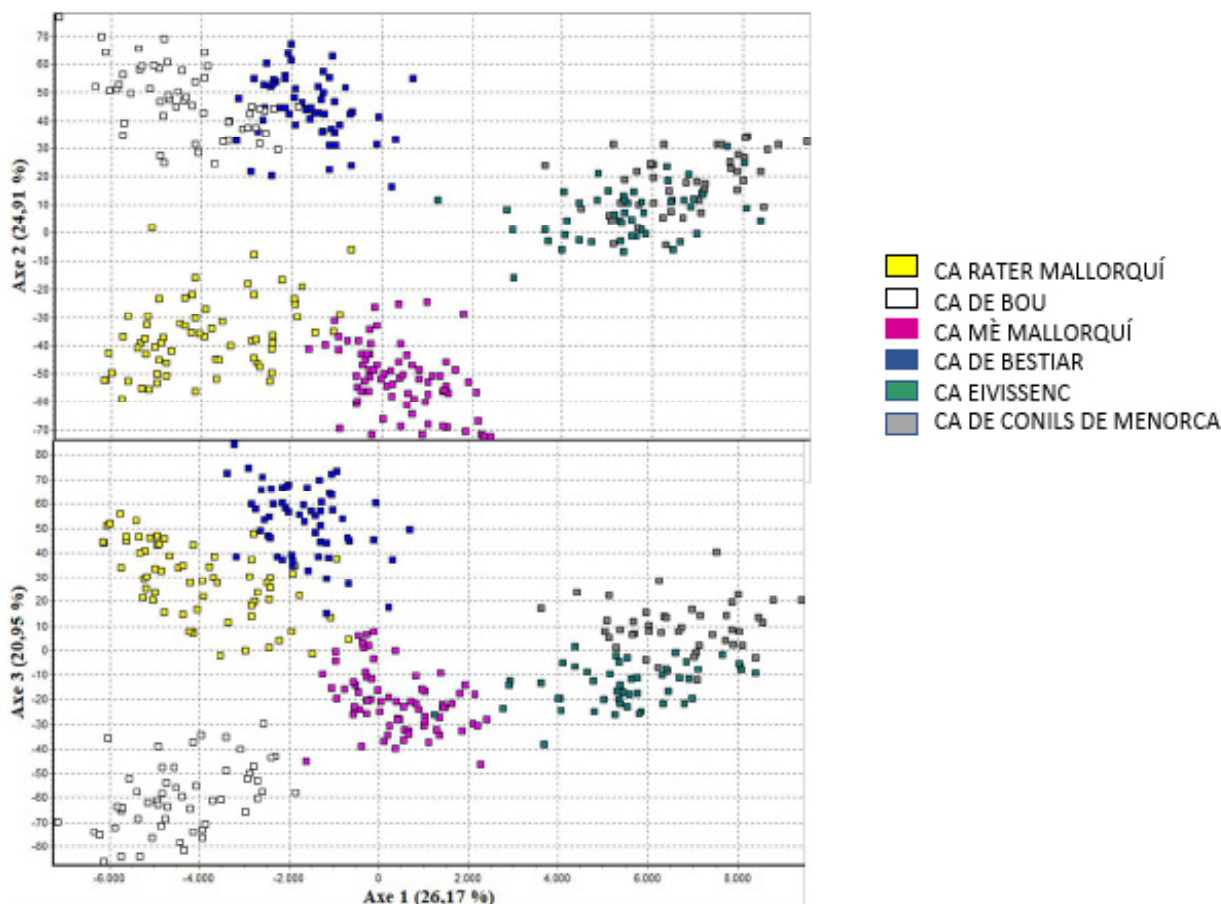


Figura 1. Análisis Factorial de Correspondencia (AFC) entre los individuos de 6 razas caninas de Baleares (Correspondence Factor Analysis (AFC) between individuals of 6 Balearic dog breeds).

un grupo bien diferenciado en el que se encuentran Ca Eivissenc y Ca de Conills de Menorca, con un valor de Bootstrap de 98%. También, como en los ejes uno y dos del AFC, existe mayor proximidad entre Ca de Bou y Ca de Bestiar por un lado; y entre el Ca Mè Mallorcaí y el Ca Rater Mallorcaí por otro.

En la representación gráfica de las distancias genéticas entre individuos (figura 3), todas las poblaciones son homogéneas, con la excepción de algunos ejemplares de Ca Rater Mallorcaí y Ca de Conills de Menorca que no se agrupan con el resto de los individuos de su raza.

Por último, en la figura 4, se presentan los resultados del programa STRUCTURE. Se muestran gráficamente los resultados de asignación individual (q) para el K óptimo según el método de Evanno, que es 5, y para $K = 6$ que es el número real de poblaciones. Cuando $K = 6$ cada raza forma un único clúster. No se observan ni subdivisiones en ninguna de las razas ni cruzamientos entre ellas, aunque se pueden observar algunos animales aislados con algún signo de cruzamiento.

CONCLUSIONES

En este estudio, se establece el perfil genético del Ca Rater Mallorcaí. Se trata una raza homogénea genéticamente, en equilibrio de Hardy-Weinberg, con

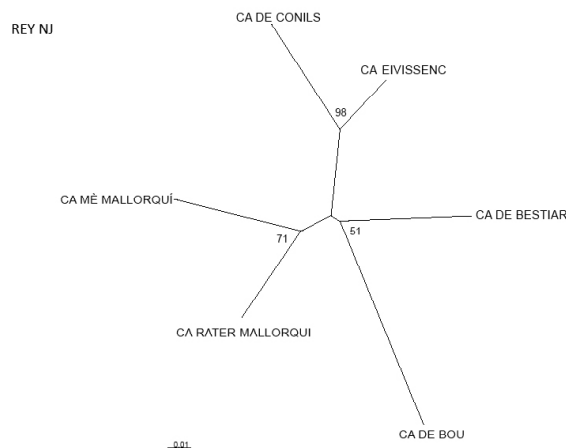


Figura 2. Dendrograma Neighbor-Joining de las distancias genéticas de Reynolds entre 6 razas caninas de Baleares (Dendrogram Neighbor-Joining of the genetic distances of Reynolds between 6 dog breeds of the Balearic Islands).

una diversidad genética moderada-alta y totalmente diferenciada de las otras 5 razas de Baleares con las que se compara en este estudio. No se observa estructura interna de la raza ni la existencia de variedades.

A la vista de los resultados obtenidos, se puede decir que las razas de Baleares estudiadas se han conservado en pureza a lo largo de los años, y no se detectan

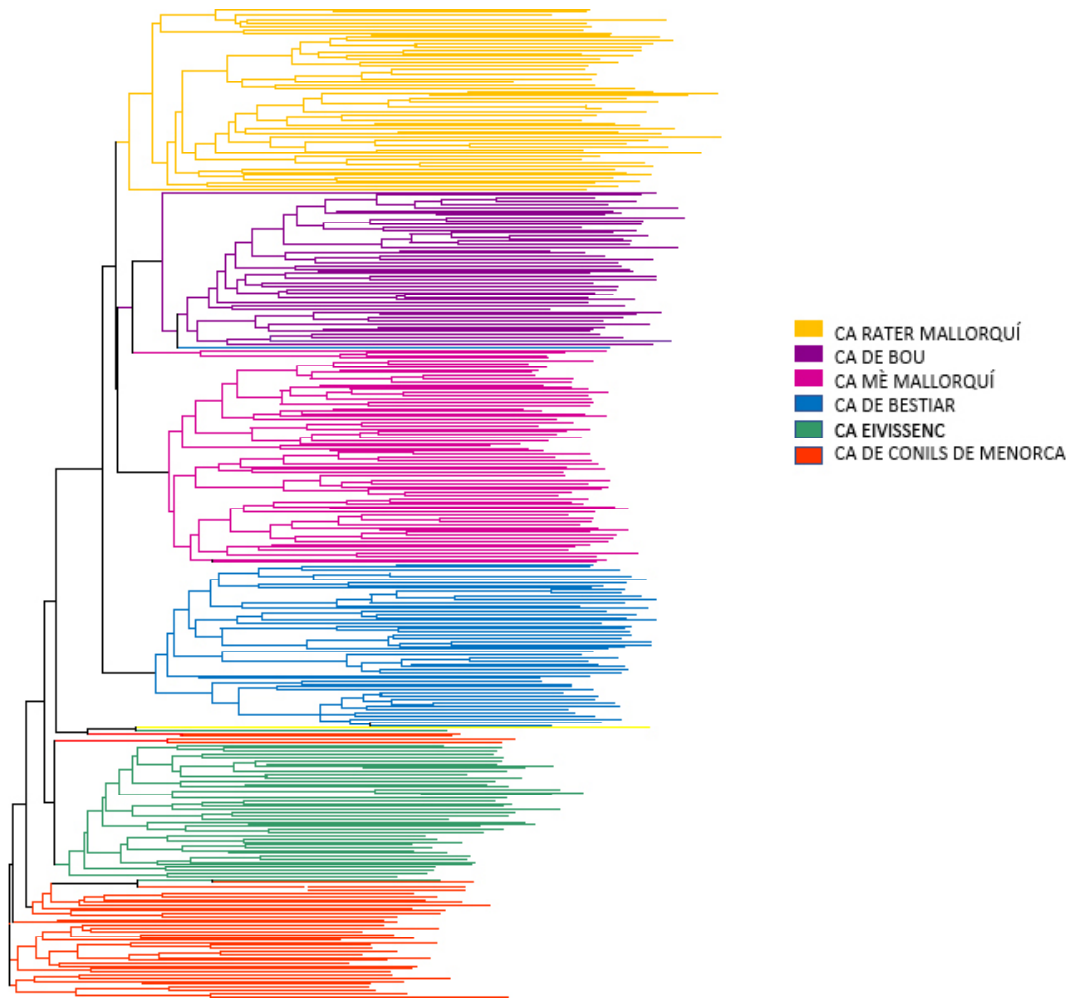


Figura 3. Árbol de distancias individuales DAS de 6 razas caninas de Baleares (DAS individual distance tree of 6 dog breeds of the Balearic Islands).

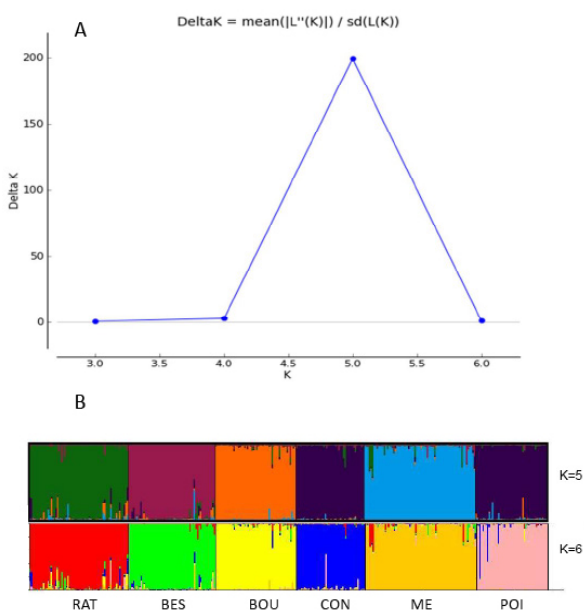


Figura 4. Estructura genética de 6 razas caninas de Baleares (B) y K óptimo (A). RAT: Ca Rater Mallorquí, BES: Ca de Bestiar, BOU: Ca de Bou, CON: Ca de Conills Mallorquí, ME: Ca Mè Mallorquí, POI: Ca Eivissenc (Genetic structure of 6 Balearic dog breeds (B) and optimal K (A). RAT: Ca Rater Mallorquí, BES: Ca de Bestiar, BOU: Ca de Bou, CON: Ca de Conills Mallorquí, ME: Ca Mè Mallorquí, POI: Ca Eivissenc).

signos de cruzamiento entre ellas, incluso en aquellas que se han seleccionado para funcionalidades similares. Ca de Conills de Menorca y Ca Eivissenc muestran una relación genética más estrecha pudiendo deberse a influencias recientes de estas dos razas, que comparten la misma área de distribución.

Estos resultados son el primer paso para establecer un programa de conservación o de cría de raza pura, para evitar su desaparición. El conocimiento generado en este trabajo facilitará una información objetiva que puede ser usada para la correcta gestión del Ca Rater Mallorquí.

BIBLIOGRAFÍA

- Alanzor, JM, Pons A, De la Haba M, Delgado JV, & Navas, FJ 2020, 'Does functionality condition the population structure and genetic diversity of endangered dog breeds under island territorial isolation?', *Animals*, 10(10), pp. 1–22. doi: 10.3390/ani10101893.
- Belkhir, K, Borsa, P, Chikhi, L, Raufaste, N & Bonhomme, F 2004, 'GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations'. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000. Université de Montpellier II, Montpellier (France).
- Bigi, D, Marelli, SP, Randi, E, & Polli M 2018, 'Investigating the population structure and genetic differentiation of livestock guard dog breeds', *Animal*, 12(10), pp. 2009–2016. doi: 10.1017/S1751731117003573.
- Bowcock, AM, Ruiz-Linares, A, Tomfohrde, J, Minch, E, Kidd, JR, & Cavalli-Sforza, LL 1994, 'High resolution of human evolutionary trees

- with polymorphic microsatellites', *Nature*, 368(6470), pp. 455–457. doi: 10.1038/368455a0.
- Club del Ca Rater Mallorca 2010, *Historia del Ca Rater*. Disponible en: <http://www.clubcaratermallorqui.com/es/historia-del-ca-rater> (Acceso: 22 Junio 2021).
- Czy , K, Filistowicz, A, K sek, M, Przysiecki, P, Vrtková, I, & Zielak-Steciwo, AE 2016, 'Genetic distance between three breeds of dogs based on selected microsatellite sequences', *Animal Science Papers and Reports*, 34(1), pp. 95–102.
- Earl, DA, & vonHoldt, BM 2012, 'STRUCTURE HARVESTER: A website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method', *Conservation Genetics Resources*, 4(2), pp. 359–361. doi: 10.1007/s12686-011-9548-7.
- Evanno, G, Regnaut, S, & Goudet, J 2005, 'Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study', *Molecular Ecology*, 14(8), pp. 2611–2620. doi: 10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x.
- Govern Illes Balears GOIB. 'Races autòctones de les Illes Balears-Ca rater mallorquí', disponible en: https://www.caib.es/sites/racesautoctones/ca/ca_rater_mallorqui-4122/ (Acceso: 1 Mayo 2021).
- Kopelman, NM, Mayzel, J, Jakobsson, M, Rosenberg, NA, & Mayrose, I 2015, 'Clumpak: A program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K', *Molecular Ecology Resources*, 15(5), pp. 1179–1191. doi: 10.1111/1755-0998.12387.
- Koskinen, MT & Bredbacka, P 2000, 'Assessment of the population structure of five Finnish dog breeds with microsatellites', *Animal Genetics*, 31(5), pp. 310–317. doi: 10.1046/j.1365-2052.2000.00669.x.
- Langella, O 1999, 'Populations 1.2.31: a population genetic software. CNRS UPR9034' 1999. <http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/>.
- Lee, EW, Choi, SK, & Cho, GJ 2014, 'Molecular genetic diversity of the Gyeongju Donggyeong dog in Korea', *Journal of Veterinary Medical Science*, 76(10), pp. 1359–1365. doi: 10.1292/jvms.14-0189.
- Mellanby, RJ, Ogden, R, Clements, DN, French, AT, Gow, AG, Powell, R, Corcoran, B, Schoeman, JP, & Summers, KM 2013, 'Population structure and genetic heterogeneity in popular dog breeds in the UK', *Veterinary Journal*, 196(1), pp. 92–97. doi: 10.1016/j.tvjl.2012.08.009.
- Méndez, S, Dunner, S, García, JA, Argüello, S, Crespo, MJ, Chomón, N, Calderón, LA, Sañudo, B, & Cañón, J 2011, 'Caracterización del perro de agua del cantábrico', *Archivos de Zootecnia*, 60(231), pp. 405–408. doi: 10.4321/S0004-05922011000300022.
- Page, RDM 1996, 'Treeview: An application to display phylogenetic trees on personal computers', *Bioinformatics*, 12(4), pp. 357–358. doi: 10.1093/bioinformatics/12.4.357.
- Park, SDE, & Edward, SD 2002, 'Trypanotolerance in West African cattle and the population genetic effects of selection'. Disponible en: <http://www.tara.tcd.ie/handle/2262/89035> (Acceso: 28 Octubre 2021).
- Parker, HG, Lisa VK, Sutter, NB, Carlson, S, Lorentzen, TD, Malek, TB, Johnson, GS, De France, HB, Ostrander, EA & Kruglyak, L 2004, 'Genetic Structure of the Purebred Domestic Dog'. *Science* 304(5674): 1160–64. <https://doi.org/10.1126/science.1097406>.
- Parra, D, Méndez, S, Cañón, J & Dunner, S 2008, 'Genetic Differentiation in Pointing Dog Breeds Inferred from Microsatellites and Mitochondrial DNA Sequence'. *Animal Genetics* 39(1): 1–7. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.2007.01658.x>.
- Payeras, LL, & Falconer, J 1998, 'Races autòctones de les Illes Balears' Palma de Mallorca: Govern Balear.
- Pedersen, NC, Pooch, AS, & Liu, H 2016, 'A genetic assessment of the English bulldog', *Canine Genetics and Epidemiology*, 3(1), pp. 1–16. doi: 10.1186/s40575-016-0036-y.
- Pires, AE, Amorim, IR, Ginja, C, Gomes, M, Godinho, I, Simões, F, Oom, M, Petrucci-Fonseca, F, Matos, J, & Bruford, MW 2009, 'Molecular structure in peripheral dog breeds: Portuguese native breeds as a case study', *Animal Genetics*, 40(4), pp. 383–392. doi: 10.1111/j.1365-2052.2009.01849.x.
- Pons A, Alanzor JM, Delgado, JV, Gómez, M, Landi, V, & Martínez, MA 2016, 'Caracterización genética del perro de presa mallorquí (Ca de Bou)'. En *Escola Superior Agraria, Instituto Politécnico de Castelo Branco. X Congresso Ibérico sobre Recursos genéticos Animais. Sociedade Portuguesa de Recursos Genéticos Animais. Castelo Branco, Portugal*.
- Porrás-Hurtado, L, Yarimar Ruiz, CS, Christopher P, Carracedo A, & Lareu M 2013, 'An overview of STRUCTURE: Applications, parameter settings, and supporting software', *Frontiers in Genetics*, 4(MAY). doi: 10.3389/fgene.2013.00098.
- Pritchard, JK, Stephens, M, & Ponnolly, P 2000, 'Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data'. *Genetics* 155(2): 945–59.
- Raymond, M & Rousset, F 1995, 'GENEPOP (Version 1.2): Population Genetics Software for Exact Tests and Ecumenicism', *Journal of Heredity*, 86(3), pp. 248–249. doi: 10.1093/oxfordjournals.jhered.a111573.
- Reynolds, J, Weir, BS, & Cockerham, CC 1983, 'Estimation of the coancestry coefficient: Basis for a short-term genetic distance', *Genetics*, 105(3), pp. 767–779. doi: 10.1093/genetics/105.3.767.
- San José, C, Cárcel, MJ, Tejedor, MT & Monteagudo, LV 2018, 'Microsatellite DNA markers applied to the classification of the Podenco Valenciano canine breed', *Italian Journal of Animal Science*, 17(1), pp. 49–52. doi: 10.1080/1828051X.2017.1350119.
- Scientific, F & Haeringer, W 2019, 'Applied Genetics in Companion Animals', <https://www.isag.us/Docs/AppGenCompAnim2019.pdf>.
- Suárez, NM, Betancor, E, Fregel, R, & Pestano, J 2013, 'Genetic Characterization, at the Mitochondrial and Nuclear DNA Levels, of Five Canary Island Dog Breeds'. *Animal Genetics* 44(4): 432–41. <https://doi.org/10.1111/age.12024>.
- Walsh PS, Metzger DA, & Higuchi R 1991, 'Chelex® 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material'. *Biotechniques* 10: 506–513.
- Weir, BS & Cockerham, CC 1984, 'Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure', *Evolution*, 38(6), p. 1358. doi: 10.2307/2408641.
- Yeh, FC, & Boyle, TJB 1997, 'Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits'. *Belgian Journal of Botany* 129: 157.