



Grupo de investigación  
PAIDI AGR-218 (BIOMEJAN)  
Departamento de Genética  
Universidad de Córdoba  
Edificio C5, Campus de Rabanales  
14071, Córdoba – España  
juanviagr218gmail.com  
Tlf.: +34957218706  
+34608888772



# INFORME DE ACTUACIONES

## DESARROLLADAS POR LA UNIVERSIDAD

### DE CÓRDOBA A LA ASOCIACIÓN DE

#### GANADEROS DE LA RAZA ASNAL BALEAR





# INFORME DE ACTUACIONES DESARROLLADAS PARA LA ASOCIACIÓN DE GANADEROS DE LA RAZA ASNAL BALEAR MALLORQUINA EN EL AÑO 2023

---

## I. INTRODUCCIÓN

La raza asnal Balear está en grave peligro de extinción, al igual que la mayor parte de las razas asnales del mundo, hasta el punto de poder considerar a toda la especie en un estado de permanente amenaza.

Atendiendo a esta situación, los ganaderos y la administración Balear plantearon, desde hace unos años, un programa de conservación que ha funcionado de forma intermitente, y por ello, no ha presentado resultados contundentes. En los últimos años, se ha iniciado una nueva etapa del programa, dentro de la colaboración establecida entre la administración Balear y la Universidad de Córdoba para apoyar a los ganaderos a mantener la diversidad genética de la raza.

El programa se basará, fundamentalmente en la realización periódica de estudios demográficos, que nos ofrecerán información actualizada sobre el estado de la diversidad genética de la raza y de sus individuos, además de la orientación de los ganaderos en las decisiones sobre los apareamientos.

En el presente informe se presentan los resultados del estudio demográfico correspondiente al año 2023, y en él se incluyen dos apartados; en primer lugar la evaluación genética de los machos y las hembras activos presentes en el pedigrí, basándonos en dos criterios de selección básicos, como son los coeficientes de consanguinidad y de conservación genética; en segundo término se presentan los resultados de la aplicación del coeficiente de coascendencia, para seleccionar los apareamientos recomendados de acuerdo a un mínimo coste en incremento de la consanguinidad.



## II. BASE METODOLÓGICA

A continuación, haremos una breve descripción de los tres criterios de selección mencionados anteriormente, con vistas a facilitar su comprensión por parte de los técnicos y ganaderos, para conseguir optimizar su utilización en la selección de reproductores, primero, y para decidir su utilización más recomendable.

### 1.- Coeficiente de Consanguinidad.

Este coeficiente fue definido por Wright en 1922, el cual lo definió como la probabilidad de que dos alelos de un determinado locus sean idénticos por ascendencia. Esto quiere decir que dos genes de un determinado locus procedan de un antepasado común. Por tanto, una alta consanguinidad en un individuo determina una tendencia a la homocigosis y por tanto a sus consecuencias, como son la disminución de la eficiencia productiva y reproductiva, la baja resistencia al estrés, o la aparición de expresiones de genes deletéreos como deficiencias genéticas de distinto tipo. Todo ello causa una baja eficiencia biológica en los individuos.

A nivel poblacional, la consanguinidad promedio nos indica la situación genética de la población. Una alta consanguinidad poblacional implica una disminución de la diversidad genética y con ello una baja capacidad productiva, reproductiva y adaptativa. En general, cuando los niveles de consanguinidad superan el 12,5%, los efectos de la depresión por endogamia crecen exponencialmente (Baes y col., 2019), lo que supone una gran amenaza para la supervivencia de la población.

Por todo ello, es muy importante el comprobar la evolución del incremento de la consanguinidad poblacional por año o por generación, ya que esto nos pone sobre aviso del comportamiento de la raza, por un lado; y sobre la eficacia del programa de conservación en marcha, por otro.



## 2.- Coeficiente de Conservación Genética

Cuando se inicia la gestión genética de una población por medio del conocimiento y registro de las relaciones familiares entre los individuos, decimos que se trata de una población genealógica. Este inicio se entiende como la fundación de la población genealógica y los individuos registrados en este inicio son considerados fundadores.

Según van avanzando las generaciones van surgiendo sucesivas oleadas de individuos descendientes de los fundadores y nos interesa disponer de alguna forma de conocer la influencia en el pedigrí de los futuros descendientes de los animales que fundaron la población, debido a que esto sería una medida de la genuinidad que se va manteniendo en la evolución de la población.

Alderson (1990, 1992) propuso por primera vez el concepto de coeficiente de conservación genética, basándose en el número efectivo de los fundadores en los pedigrís. Sobre el valor de este coeficiente influyen dos cuestiones; por un lado, el número de fundadores presentes en el pedigrí, y por otro, la cercanía en el pedigrí de los mismos respecto al individuo. Por tanto, los animales con más fundadores en su pedigrí y con el posicionamiento más reciente de los mismos en el árbol genealógico, son los más interesantes.

El coeficiente de conservación genética cumple este requisito ya que tiene en cuenta los animales fundadores y las segregaciones ocurridas entre ellos y el individuo en cuestión. La fórmula de cálculo del coeficiente de conservación genética sería:  $CCG = 1 / \sum p_i^2$

Donde  $p_i$  es la proporción de genes de un determinado fundador en el pedigrí del individuo, o también, la probabilidad de que un gen de un determinado locus procedente de un determinado ancestro fundador esté presente en el genoma de un individuo.



### 3.- Coeficiente de Coascendencia.

Este coeficiente se define como la probabilidad de que dos individuos posean en un mismo locus dos genes idénticos por ascendencia, es decir, la probabilidad de que ambos individuos hayan recibido el mismo gen procedente de un antepasado común. Por tanto, la coascendencia de una determinada pareja de potenciales reproductores sería igual a la consanguinidad que tendría su potencial descendiente. Por ello, este coeficiente definido por Malécot en 1948, nos resulta muy útil para hacer una prospección sobre cuáles son los apareamientos que van a ofrecer la mínima consanguinidad en los descendientes y, por tanto, nos van a generar un menor incremento de la consanguinidad en la población, permitiéndonos controlar la pérdida de diversidad genética.

Utilizando este criterio, realizamos una matriz de coascendencia que enfrenta a todos los machos y hembras activos, pudiendo ordenar así los apareamientos de más a menos recomendables, apoyando así la toma de decisiones.

### III. EVALUACIÓN GENÉTICA DE LOS REPRODUCTORES

Entrando ya en la presentación de resultados, debemos puntualizar que todos los análisis básicos han sido llevados a cabo con el programa ENDOG (Gutiérrez y Goyache, 2005).

Comenzamos la presentación con las clasificaciones de los machos y hembras activos reproductivamente en la población, en función de un índice combinado, que tiene en cuenta de forma proporcionada y simultánea la clasificación de los animales en la población, en función de sus coeficientes individuales de consanguinidad y de conservación genética.

El procedimiento de cálculo ha sido el siguiente:

- 1.- Preparación de la base de datos de pedigrí.



2.- Cálculo de los coeficientes de consanguinidad y de conservación genética.

3.- Ordenación de los animales en orden ascendente para el Coeficiente de Consanguinidad y descendente para el Coeficiente de Conservación Genética.

4.- Aplicación de un ranquin para el coeficiente de consanguinidad de modo que, aquellos animales con valores menores adquieran la mayor posición en el ranquin.

5.- Aplicación de un ranquin para el coeficiente de conservación genética de modo que, aquellos animales con valores mayores adquieran la mayor posición en el ranquin.

6.- Aplicación de un índice combinado:

$$IC = \left( \frac{RCC}{N^{\circ} RCC} \right) \times 1,5 + \left( \frac{RCCG}{N^{\circ} RCCG} \right)$$

Donde:

- IC: índice combinado.
- RCC: Orden en el ranking de los coeficientes de consanguinidad.
- N° RCC: Total de posiciones del ranking de consanguinidad.
- RCCG: Orden en el ranking de los coeficientes de conservación genética.
- N° RCCG: N° total de posiciones del ranking del coeficiente de conservación genética.

7.- Clasificación de los machos y de las hembras en función del índice.

En la tabla Excel anexa se muestran los resultados de la evaluación genética de los animales vivos tanto sementales como hembras reproductoras, ordenados de mayor a menor por el índice combinado que tiene en cuenta los coeficientes de consanguinidad y de conservación genética, proporcionados adecuadamente. Todos los resultados se han obtenido con la información





registrada en el libro genealógico de la raza, por ello cualquier relación de parentesco que no sea oficial, no se ha computado.

En las tablas sólo se representan los reproductores activos y debemos tener en cuenta que los individuos con el mismo valor del índice deben considerarse con la misma categoría, aunque ocupen distintas posiciones en el ranking.

Esta información debe tenerse en cuenta a la hora de seleccionar los reproductores, ya que los animales con los índices más altos son los que poseen una mayor diversidad y representatividad.

#### **IV. PLANIFICACIÓN DE LOS APAREAMIENTOS**

Una vez que los sementales y las hembras reproductoras han sido evaluados genéticamente por su diversidad (coeficiente de consanguinidad) y por su representatividad (coeficiente de conservación genética), debemos implementar los mecanismos para saber cómo utilizarlos en la reproducción.

Para ello utilizamos el coeficiente de coascendencia para establecer una matriz enfrentando a todos los reproductores machos y hembras activos disponibles en la población, obteniendo así el valor de los coeficientes de consanguinidad que tendrían sus potenciales descendientes.

En este caso, presentamos los resultados generales involucrando a todos los animales registrados (Tablas Excel anexas, por ganadería). En estas presentaciones hemos utilizado las hembras de cada ganadería como referencia, así como los apareamientos con todos los machos de la población ordenados de más a menos recomendables.

Estos listados pretenden ser un útil en el que los ganaderos puedan comprobar la oportunidad de los apareamientos que deseen hacer. Valores de cero indican una nula consanguinidad de la descendencia potencial, otros valores indican relaciones consanguíneas en mayor o menor medida.



## V. ESTUDIO POBLACIONAL

Finalmente se aprovecha el presente estudio para realizar un análisis de la situación genética de la población y de su evolución interanual.

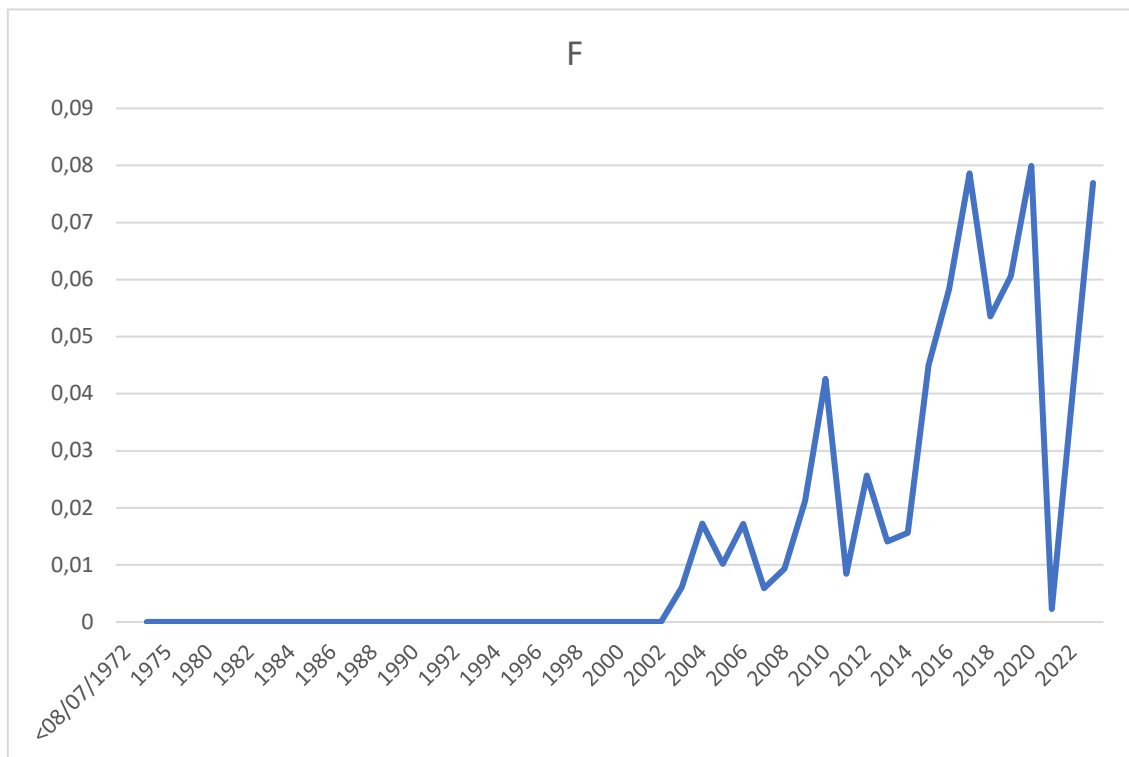


Figura 1. Evolución de los coeficientes de consanguinidad promedio.

En la figura 1 se representa la evolución de los promedios de consanguinidad de los animales nacidos cada año, entre el periodo 2003 y 2023. Nuestros resultados indican un comportamiento ascendente durante las últimas dos décadas, hasta alcanzar una situación de estabilidad a partir del año 2016. La cifra correspondiente al año 2023 (7,7% de consanguinidad promedio en animales nacidos) supone un repunte después de los años 2021 y 2022 (con 0,2% y 4,1%, respectivamente). No obstante, se encuentra por debajo, aunque próximo, del máximo valor (8,0%), alcanzado en el año 2020.

Como se puede observar en la Figura 2, el comportamiento del coeficiente de conservación es, en general, óptimo, pues asistimos a un incremento significativo a través de las generaciones. Sin embargo, para el año 2023, se produce un descenso acusado de estos valores.



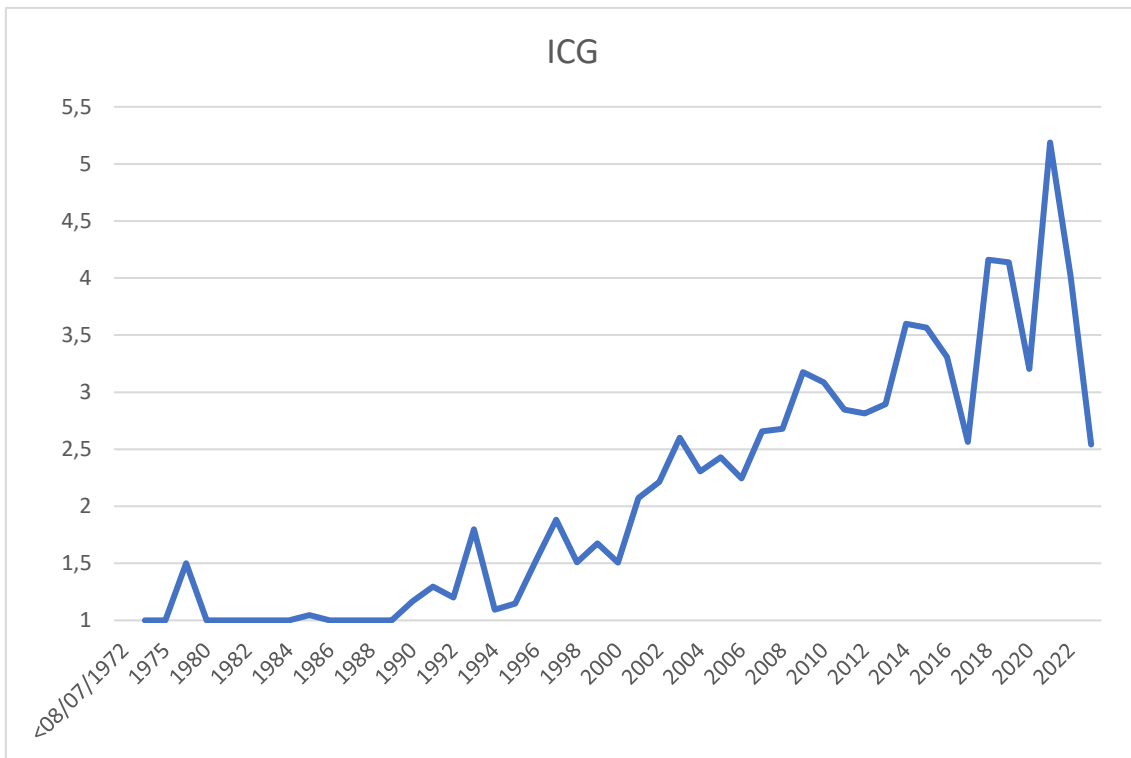


Figura 2. Evolución de los coeficientes de conservación genética promedios.

La evolución de los coeficientes de consanguinidad y conservación genética muestran, en general, un comportamiento positivo. El coeficiente de consanguinidad promedio de los animales nacidos ha incrementado desde el inicio de la toma de registros, como era previsible, aunque se ha conseguido alcanzar una fase de estabilidad, conteniendo el incremento de estos valores. Por su parte, la conservación genética ha presentado un crecimiento continuo, incluso durante los últimos años.

Sin embargo, el notable incremento de la consanguinidad y acusado descenso del índice de conservación genética de los animales nacidos en 2023 nos alerta de la mala organización de los apareamientos. Ello se respalda en que, durante este último año, se han obtenido crías con menor diversidad genética y, además, con un menor aporte de animales fundadores, lo cual reduce la genuinidad de la raza. Ello debería animar a los criadores a implementar la matriz de coascendencia en la toma de decisiones a la hora de planear los apareamientos.



## VI. PROPUESTA DE SEMENTALES PARA CONSERVAR EN EL BANCO

Se proponen como sementales a conservar los animales que ocupan la cabeza del ranquin de machos vivos para el índice combinado. Cuando el número de animales propuestos exceda el número recomendado de individuos a preservar en el banco, quedando animales con el mismo índice combinado fuera de los recomendados para su conservación, se seleccionarán aquellos individuos que, a igualdad de índice combinado, presenten una mayor edad y no se encuentren en el mismo rebaño que otros individuos recomendados.

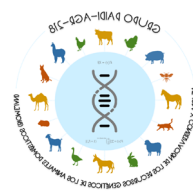
- 985120008843714 (Garrit de Son Amonda)
- 977200005559312 (Mestral de Sa Corona)
- 985100010290791 (Galatzó de Sa Corona)
- 10010000724040000236082 (Moret d'Alputzer Nou)
- 10010000724040000269159 (Tiago d'Estancia Rafal Nou)
- 10010000724040000264358 (Moreno de Son Eixida)

A continuación, se ofrece un listado de jóvenes machos que se propondrían para conservar en el banco tras superar la calificación morfológica, una vez alcanzada la edad mínima para ello.

- 10010000724040000548789 (Arnau de Ca'n Morey)
- 10010000724040000514746 (Valent de Ariant)
- 10010000724040000514747 (Bandolero S.A. de S'Argusam)
- 10010000724040000649673 (Nenu d'Alputzer Nou)

Finalmente, a continuación, se plantea un listado de animales que se podrían proponer para banco cuando superasen la calificación morfológica, cuando actualmente tienen o han superado la edad mínima para someterse a la misma.

- 10010000724040000512899 (Trobat de Bellveure)
- 10010000724040000511945 (Caliu de Son Pax)
- 10010000724040000512765 (Xaloc d'Es Cabàs)
- 985100010350195 (Barrut des Calderers)



- 10010000724040000512131 (Rupit de Son Eixida)
- 10010000724040000512772 (Roc de Son Pons Cardaix)
- 10010000724040000513321 (Fumat de Son Sans)
- 10010000724040000269154 (Tord de Son Eixida)
- 985100010444215 (Morera de Can Roig)

## VII. REFERENCIAS

- Alderson, L. 1990. Genetic conservation of domestic livestock. Wallingford, U.K.: CAB International, p. 242.
- Alderson, L. 1992. A system to maximize the maintenance of genetic variability in small populations. In: ALDERSON, L.; BODO, I. (Eds.) Genetic conservation of domestic Livestock II. Wallingford: CAB, p.18-29.
- Baes, C. F., Mekanjuola, B. O., Miglior, F., Marras, G., Howard, J. T., Fleming, A., & Maltecca, C. (2019). Symposium review: The genomic architecture of inbreeding: How homozygosity affects health and performance. *Journal of dairy science*, 102(3), 2807-2817.
- Gutiérrez J.P. & Goyache F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 122, p. 172-176.
- Malécot, G. 1948. *Les mathématiques de l'hérédité*. Paris: Masson & Cie.
- Wright, S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. *Amer. Natur*, 56, p. 330-338