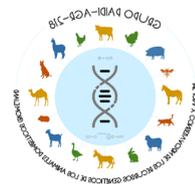




Grupo de investigación
PAIDI AGR-218 (BIOMEJAN)
Departamento de Genética
Universidad de Córdoba
Edificio C5, Campus de Rabanales
14071, Córdoba – España
juanviagr218gmail.com
Tlf.: +34957218706
+34608888772



INFORME DE ACTUACIONES DESARROLLADAS POR LA UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA A LA ASOCIACIÓN DE GANADEROS DE LA RAZA OVINA MALLORQUINA





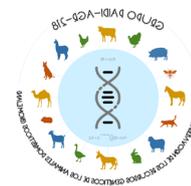
INFORME DE ACTUACIONES DESARROLLADAS PARA LA ASOCIACIÓN DE GANADEROS DE LA RAZA OVINA MALLORQUINA EN EL AÑO 2022 BAJO LA ÓPTICA DE LA MEJORA

I. INTRODUCCIÓN

La Associació de ramaders de l'ovella de raça mallorquina, en funció de las atribuciones que le confiere la normativa vigente, es la entidad responsable de la llevanza del Libro Genealógico de la raza, así como del Programa de Mejora de la misma, contando con el apoyo del Institut de Recerca i Formació Agroalimentària i Pesquera de les Illes Balears (IRFAP). Estas dos entidades y el Grupo de investigación AGR-218 de la Universidad de Córdoba vienen realizando una labor conjunta en el desarrollo del programa de mejoramiento genético de la raza ovina Mallorquina. Las aportaciones de este grupo de investigación se centran en los aspectos de dirección técnica del programa de mejora y cualquier otro aspecto científico-técnico que sea de interés para la raza.

En los comienzos de nuestros trabajos, todos los esfuerzos se han centrado en la calidad de la información disponible, en tal sentido, hemos llegado en la actualidad a disponer de una base de datos fenotípica y genealógicos de calidad suficiente para sostener una evaluación genética. Estas dos bases de datos se van nutriendo año tras año con nueva información proveniente por un lado, de los controles de rendimientos realizados desde la asociación, y por otro, de las filiaciones contrastadas con marcadores moleculares de ADN.

La raza ovina Mallorquina es un animal bien adaptado al medio debido a su rusticidad. Su escaso manejo dificulta la recogida de información y los controles de rendimientos (Anguera, 2003). Del mismo modo, el seguimiento de la genealogía y la conexión genética entre rebaños, también se torna complicado en ocasiones.



A pesar de esto, la sincronización entre las instituciones implicadas y el esfuerzo llevado a cabo por estas, han hecho posible la confección de un documento como es el catálogo de sementales de la raza. La esencia de todo Libro Genealógico debe ser el desarrollo, aplicación y difusión de la mejora genética dentro de la raza de referencia. El catálogo de sementales constituye, por otra parte, un paso más en el esquema de selección del ganado, por ello no debe entenderse como una información aislada y única, sino que debe contemplarse dentro del propio esquema.

El catálogo de sementales, al igual que una raza o genotipo en sí, es dinámico, es decir, su información cambia con el paso del tiempo al valorarse nuevos animales, completarse o ampliarse los datos de los ya incluidos, o al desaparecer algunos de los valorados. Además, el progreso genético y la mejora de las poblaciones animales pueden llevar a que animales que en su momento fueron mejorantes pasen a ser animales no mejorantes (Casanova Arias et al., 2020). Es por esto por lo que los catálogos de sementales deben ser evaluados periódicamente.

El fin último del catálogo de sementales es que los técnicos de la raza y los ganaderos puedan seleccionar los sementales más convenientes para utilizarlos como reproductores en su rebaño para que estos mejoren genética, y por tanto, productivamente a sus animales. Además, el catálogo de reproductores aporta una gran seguridad y confianza al ganadero sobre el carácter mejorante de un semental en el momento de adquirirlo.

Durante el año 2022, se han mantenido los objetivos del programa, con un gran esfuerzo de recopilación por parte de los técnicos de la asociación y de IRFAP. En tal sentido debemos citar a continuación los objetivos de trabajo propuestos para el año 2023.

II. OBJETIVOS

1.- Asesoramiento técnico del Esquema de Selección.



- 2.- Depuración de la información del control de rendimientos y genealógica.
- 3.- Definición de los efectos no genéticos que afectan a las variables, cálculo experimental de los parámetros genéticos y componentes de la varianza.
- 4.- Evaluación genética de reproductores.
- 5.- Asesoramiento para el diseño del catálogo de sementales.

III. RESULTADOS. EVALUACIÓN GENÉTICA DE PESOS CRECIMIENTOS EN LA RAZA OVINA MALLORQUINA 2022

Se presentan a continuación los resultados de la evaluación genética de la raza ovina mallorquina correspondiente al año 2022 desarrollada por el grupo de investigación AGR-218 del Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba, donde quedan reflejados los datos correspondientes a la información productiva y genealógica disponible.

1.- Información genealógica y productiva

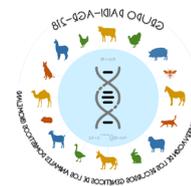
Para los caracteres de pesos y crecimientos se evaluaron 58404 animales presentes en la matriz de parentescos. La distribución de los animales evaluados fue la siguiente:

- 501 sementales.
- 8627 madres.

Para ello se utilizó la información productiva de los 3865 corderos con información propia de pesos y ganancias medias diarias, lo que equivale a un total 14425 pesadas tipificadas para el peso al nacimiento, peso a 30 días, 45 días y 75 días.

Toda esta información perteneciente a animales de 6 ganaderías integradas en el núcleo de selección.

2.- Modelo de Análisis para la Evaluación Genética



La evaluación genética de los mencionados criterios de selección se desarrolló mediante la utilización de la metodología BLUP (Best Linear Unbiased Predictors), aplicándose para ello un Modelo Animal con Efectos Maternos, utilizando el paquete MTDFREML (Boldman y cols., 1995). Los efectos incluidos en este modelo de análisis fueron:

- Efectos fijos:
 - Rebaño (6 niveles).
 - Año de parto (9 niveles: 2014-2022).
 - Época de parto (con cuatro niveles, primavera, verano, otoño e invierno).
 - Sexo del cordero (2 niveles: macho y hembra).
 - Tipo de parto (3 niveles: simple, doble, triple).
- Efectos aleatorios:
 - Valores genéticos directo y materno.
 - Efecto ambiental permanente (la madre).
- Las variables de respuesta fueron: Peso a los 30, 45 y 75 días y sus respectivas Ganancias Medias Diarias 0-30, 0-45 y 0-75.

En las tablas 1 y 2 se presenta un resumen de los estadísticos descriptivos de los valores genéticos aditivos y sus fiabilidades obtenidos en la evaluación genética, donde se reflejan los promedios y los máximos y mínimos obtenidos para el componente directo y materno en la categoría de machos y de hembras, respectivamente.

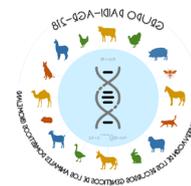


Tabla 1. Estadísticos descriptivos para los valores genéticos y sus fiabilidades con efectos directos y maternos para los caracteres peso a los 30 días, peso a los 45 días, peso a los 75 días y ganancia media diaria de los 0 a los 30 días, de los 0 a los 45 días y de los 0 a los 75 días para los sementales de la raza ovina mallorquina, respectivamente.

Machos	Media	Desviación estándar	Mínimo	Máximo
<i>VG Efect. Dir. Peso 30 días</i>	0.129	0.464	-1.899	2.448
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 30 días</i>	0.277	0.262	0.000	0.920
<i>VG Efect. Mat. Peso 30 días</i>	-0.060	0.227	-1.468	0.879
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 30 días</i>	0.249	0.201	0.000	0.840
<i>VG Efect. Dir. Peso 45 días</i>	0.172	0.649	-3.170	4.095
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 45 días</i>	0.284	0.265	0.000	0.930
<i>VG Efect. Mat. Peso 45 días</i>	-0.084	0.366	-2.392	1.788
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 45 días</i>	0.271	0.212	0.000	0.870
<i>VG Efect. Dir. Peso 75 días</i>	0.093	0.935	-4.228	6.086
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 75 días</i>	0.301	0.277	0.000	0.950
<i>VG Efect. Mat. Peso 75 días</i>	-0.035	0.500	-3.218	2.095
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 75 días</i>	0.291	0.244	0.000	0.900
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-30 días</i>	2.067	12.280	-77.332	95.84
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-30 días</i>	0.272	0.259	0.000	0.9250
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-30 días</i>	-0.761	6.536	-48.545	41.411
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-30 días</i>	0.258	0.213	0.000	0.86
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-45 días</i>	2.215	13.982	-91.372	107.312
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-45 días</i>	0.292	0.271	0.000	0.940
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-45 días</i>	-0.788	7.826	-54.902	51.113
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-45 días</i>	0.283	0.228	0.000	0.890
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-75 días</i>	10.229	18.909	-36.963	118.43
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-75 días</i>	0.301	0.276	0.000	0.950
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-75 días</i>	-5.475	10.150	-64.006	16.762
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-75 días</i>	0.291	0.244	0.000	0.910

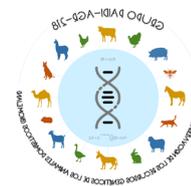


Tabla 2. Estadísticos descriptivos para los valores genéticos y sus fiabilidades con efectos directos y maternos para los caracteres peso al nacimiento, peso a los 30 días, peso a los 45 días, peso a los 75 días y ganancia media diaria de los 0 a los 75 días, de los 45 a los 75 días y de los 30 a los 75 días para las hembras reproductoras de la raza ovina mallorquina, respectivamente.

Hembras	Media	Desviación estándar	Mínimo	Máximo
<i>VG Efect. Dir. Peso 30 días</i>	0.114	0.345	-1.433	2.333
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 30 días</i>	0.189	0.195	0.000	0.670
<i>VG Efect. Mat. Peso 30 días</i>	-0.051	0.185	-1.122	0.788
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 30 días</i>	0.201	0.150	0.000	0.620
<i>VG Efect. Dir. Peso 45 días</i>	0.158	0.501	-2.435	2.872
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 45 días</i>	0.196	0.196	0.000	0.680
<i>VG Efect. Mat. Peso 45 días</i>	-0.073	0.296	-1.715	1.517
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 45 días</i>	0.213	0.161	0.000	0.650
<i>VG Efect. Dir. Peso 75 días</i>	0.96	0.688	-4.052	6.906
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 75 días</i>	0.208	0.205	0.000	0.700
<i>VG Efect. Mat. Peso 75 días</i>	-0.034	0.391	-3.596	1.901
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 75 días</i>	0.221	0.178	0.000	0.670
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-30 días</i>	2.416	9.741	-58.601	63.724
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-30 días</i>	0.185	0.193	0.000	0.660
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-30 días</i>	-0.886	5.407	-35.974	33.911
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-30 días</i>	0.202	0.156	0.000	0.630
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-45 días</i>	2.578	11.156	-69.943	72.983
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-45 días</i>	0.202	0.200	0.000	0.390
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-45 días</i>	-0.929	6.586	-42.150	42.288
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-45 días</i>	0.224	0.168	0.000	0.66
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-75 días</i>	7.603	14.531	-31.828	99.420
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-75 días</i>	0.209	0.204	0.000	0.700
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-75 días</i>	-3.982	7.903	-50.711	17.098
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-75 días</i>	0.221	0.178	0.000	0.670



Tabla 3. Parámetros genéticos y precisiones obtenidos para los criterios de selección de pesos y gananciasben la raza ovina Mallorquina.

	P30	P45	P75
Varianza aditiva directa (σ^2_{ad})	1.97953	2.22418	5.83428
Varianza aditiva materna (σ^2_{am})	1.63920	1.81784	4.73992
Covarianza directo_materna (COV_{am})	-1.36056	-1.11724	-3.74924
Varianza Ambiental Permanente (σ^2_{ep})	0.0000018879	0.893572E-05	0.000001358
Varianza Ambiental (σ^2_e)	1.40856	0.54	6.83480
Heredabilidad directa (h^2_d)	0.54 ± 0.112	0.35 ± 0.095	0.43 ± 0.104
Heredabilidad materna (h^2_m)	0.45 ± 0.247	0.29 ± 0.266	0.35 ± 0.301

3.- Machos mejorantes

La evaluación genética de los animales se complementó con el establecimiento de

Los machos mejorantes para cada categoría de acuerdo con el signo positivo de sus valores genéticos y a la fiabilidad establecida en cada uno de ellos:

- Grupo 1 (mejorante probado). Fiabilidad +85%
- Grupo 2 (mejorante en prueba). Fiabilidad +75-85%
- Grupo 3 (mejorante Inicial). Fiabilidad 50-74,9%

Los valores genéticos individualizados se presentan en las tablas Excel anexas 1, 2 y 3, ordenados de mayor a menor en las categorías de machos, de hembras y de corderos, respectivamente, destacando en código de colores los animales, siendo los resaltados en código de verdes los más fiables y en código de rojos los menos. La *tabla 3* presenta los parámetros genéticos para la población estudiada para cada carácter.

La evaluación de los animales se complementará con el cálculo de índices sintéticos que combinan los valores genéticos aditivos obtenidos de acuerdo a su importancia económica proporcional, para obtener una valoración para las aptitudes directa y materna de los sementales. Para ello, se calculó el siguiente índice para los componentes directos (IGD), responsables del crecimiento:



$$IGD = VG_d \text{ Peso45} * 1 + VG_d \text{ GMD0_75} * 2,5 + 100$$

donde:

- VG_d Peso 45: valor genético directo para el peso a los 45 días.
- VG_d GMD0_75: valor genético directo para la ganancia media diaria para el intervalo de 0 a 75 días.

El índice para los componentes maternos (IGM), genes responsables de los cuidados maternos que inciden en el crecimiento:

$$IGM = VG_m \text{ Peso30} * 2,5 + VG_m \text{ Peso45} * 1 + VG_m \text{ GMD0_45} * 1,5 + 100$$

donde:

- VG_m Peso 30 = Valor genético materno para el peso a 30 días.
- VG_m Peso 45 = Valor genético materno para el peso a 45 días.
- VG_m GMD0_45 = Valor genético materno para la ganancia media diaria para el intervalo de 0 a 45 días.

Con estos índices se elaboraron los respectivos ránquines de sementales, que nos proporcionan los animales mejorantes, de cara a la realización del segundo catálogo de sementales que se realice en la raza. Para ello, se tendrá en cuenta su capacidad mejorante como primer criterio, y su fiabilidad combinada para cada índice como segundo criterio.

En la tabla 4 se puede observar el ranquin de animales para los componentes directos, mientras que en la tabla 5 se puede observar el ranquin de los sementales para los componentes maternos. En esta tabla solo se mostrarán los mejorantes probados y en prueba. Para la realización del catálogo de sementales sólo se ha tenido en cuenta los animales vivos a la fecha de realización del análisis.

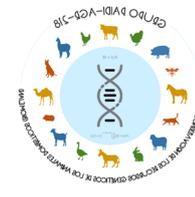


Tabla 4. Ranquin de los 10 mejores sementales mejorantes de la raza ovina Mallorquina para los valores genéticos directos.

ID Semental	IGD	Rap IGD	Ranquin	Clasificación
A0040000724040000407059	398,837	0,841	1	Mejorante en prueba
A1040000724040000407061	357,702	0,891	2	Mejorante probado
A0040000724040000407321	333,232	0,844	3	Mejorante en prueba
A0040000724040000311963	297,536	0,624	4	Mejorante inicial
A0040000724040000520520	288,916	0,561	5	Mejorante inicial
A0040000724040000443577	288,119	0,851	6	Mejorante probado
A0040000724040000526132	267,966	0,566	7	Mejorante inicial
A0040000724040000231703	266,010	0,766	8	Mejorante en prueba
A0040000724040000625432	260,964	0,554	9	Mejorante inicial
A0040000724040000526236	257,357	0,569	10	Mejorante inicial

Rap: Fiabilidad de los valores genéticos.

Tabla 5. Ranquin de los 10 mejores sementales mejorantes de la raza ovina Mallorquina para los valores genéticos maternos.

ID Semental	IGM	Rap IGM	Ranquin	Clasificación
A0040000724040000370406	180,655	0,654	1	Mejorante inicial
A0040000724040000302035	133,017	0,62	2	Mejorante inicial
A0040000724040000407757	131,1885	0,719	3	Mejorante inicial
A0040000724040000322350	128,5355	0,549	4	Mejorante inicial
A0040000724040000520563	127,003	0,664	5	Mejorante inicial
A0040000724040000407755	126,2555	0,681	6	Mejorante inicial
A0040000724040000231697	125,9515	0,572	7	Mejorante inicial
A0040000724040000407799	125,7885	0,699	8	Mejorante inicial
A0040000724040000163874	124,054	0,577	9	Mejorante inicial
A0040000724040000442155	116,916	0,771	10	Mejorante en prueba

Rap: Fiabilidad de los valores genéticos.



INFORME DE ACTUACIONES DESARROLLADAS PARA LA ASOCIACIÓN DE GANADEROS DE LA RAZA OVINA MALLORQUINA EN EL AÑO 2022 BAJO LA ÓPTICA DE LA CONSERVACIÓN

IV. INTRODUCCIÓN

La asociación de criadores de la raza ovina Mallorquina ha implementado un programa mixto de conservación y mejora, el cual está en marcha con éxito en la última década.

Un pilar básico dentro del programa es la realización periódica de estudios demográficos, que nos permitan sacar conclusiones poblacionales e individuales de la población de tal forma que se minimice la pérdida de diversidad genética.

En el presente informe se presentan los resultados del estudio demográfico correspondiente al año 2022, y en él se incluye 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.

V. 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, niveles de consanguinidad poblacional superiores al 12-14% suponen 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.

VI. 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:



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

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: 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.

VII. 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.

VIII. ESTUDIO POBLACIONAL

Finalmente se aprovecha el presente estudio para realizar un análisis de la situación genética de la población y de su evolución interanual. En la figura 1 se puede observar la evolución de los promedios de consanguinidad y de conservación genética de los animales nacidos cada año, entre el período 2006 y 2022. Nuestros resultados indican un comportamiento ascendente, que advierte de una mala gestión genética, ya que se están incrementando la consanguinidad y perdiéndose diversidad genética. No obstante, a partir del año 2018 se ha reducido notablemente el coeficiente de consanguinidad. Esto supone que el uso del presente informe en los últimos años ha dado sus frutos, ya que se ha implementado como herramienta útil a la hora de realizar los apareamientos en la raza.

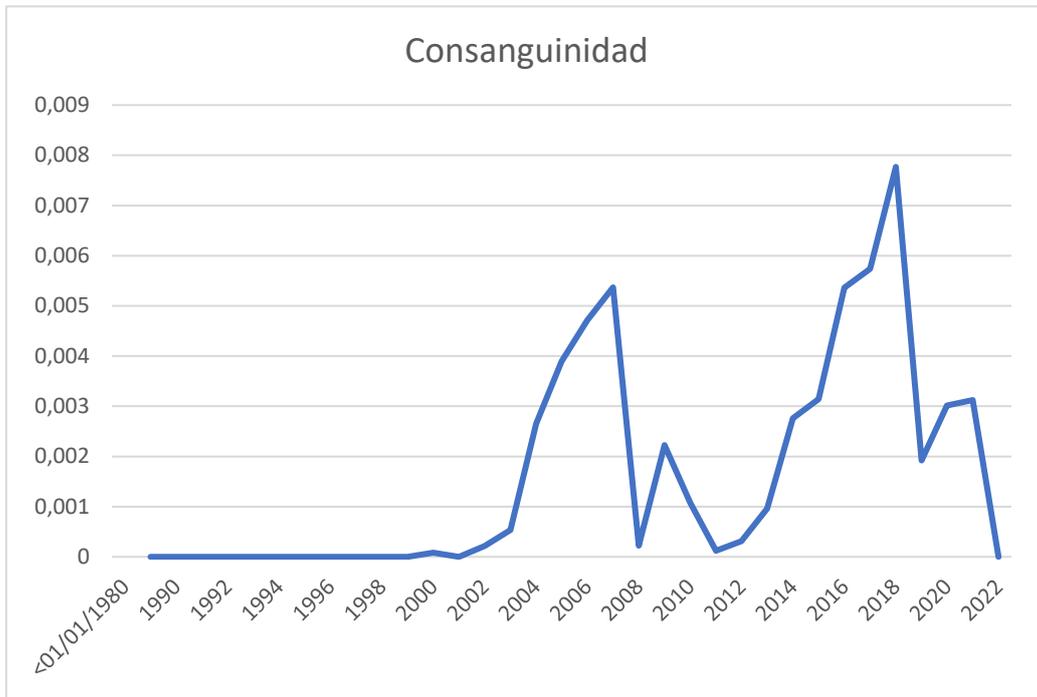


Figura 1. Evolución de los coeficientes de consanguinidad promedio.

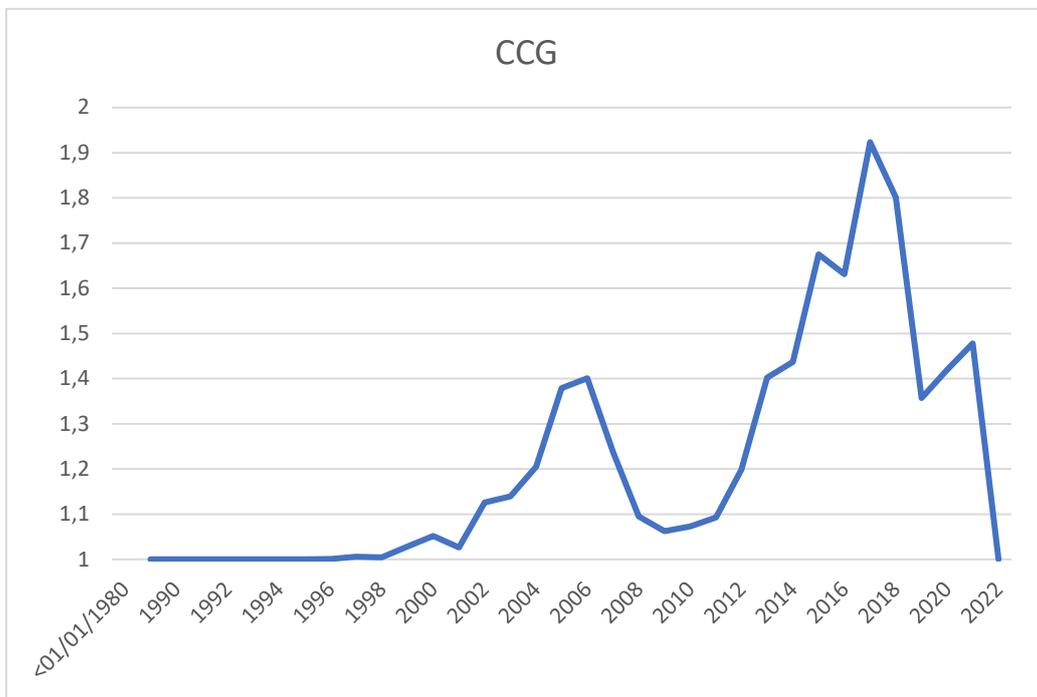


Figura 2. Evolución de los coeficientes de conservación genética promedios.



El comportamiento del coeficiente de conservación es óptimo, ya que asistimos a un incremento significativo a través de las generaciones. Con inciso para el año 2022, donde las genealogías aún están por confirmar y no todos los animales nacidos durante el año han sido inscritos, por lo que el cálculo del coeficiente es aproximado. Esto significa una buena utilización de los fundadores en la reproducción, manteniendo la genuinidad en la raza.

IX. 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: CABI, p.18-29.
- Anguera, B. Races Autòctones de les Illes Balears. 2003. Ed. Consejería de Agricultura y Pesca. Gobierno Balear, p. 59-65.
- Casanova Arias, D., León Jurado, J.M., Bermejo Asensio, L.A., Navas González, F.J., Marín Navas, C., & Barba Capote, C.J. 2020. Genetic diversity evolution of a sheep breed reintroduced after extinction: Tracing back Christopher Columbus' first imported sheep. Res. Vet. Sci., 132, p. 207-216.
- 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