



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 2024 BAJO LA ÓPTICA DE LA MEJORA

I. INTRODUCCIÓN

La Asociación de Ganaderos de Oveja la Raza Ovina Mallorquina, en función 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, del cual con los datos del año 2024 se obtendrá su cuarta edición. 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 2024, 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 2025.

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 2024

Se presentan a continuación los resultados de la evaluación genética de la raza Ovella Mallorquina correspondiente al año 2024 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 en 67.209 animales presentes en la matriz de parentescos. La distribución de los animales evaluados fue la siguiente:

- 574 sementales.
- 9.504 madres.

Para ello se utilizó la información productiva de los 5.020 individuos con información propia de pesos y ganancias medias diarias, lo que equivale a un total 18.737 pesadas tipificadas para el peso al nacimiento, peso a 30 días, 45 días y 75 días.

Toda esta información perteneciente a animales de 8 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 (8 niveles).
 - Año de parto (10 niveles: 2014-2024).
 - 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.

La *tabla 3* presenta los parámetros genéticos para los caracteres de pesos a las distintas edades y la *tabla 4* los parámetros de las ganancias medias diarias, para la población estudiada.



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	Desv. estándar	Mínimo	Máximo
<i>VG Efect. Dir. Peso 30 días</i>	0,103	0,449	-3,312	2,572
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 30 días</i>	0,364	0,243	0,020	0,920
<i>VG Efect. Mat. Peso 30 días</i>	-0,049	0,252	-1,212	1,513
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 30 días</i>	0,314	0,187	0,010	0,840
<i>VG Efect. Dir. Peso 45 días</i>	0,163	0,707	-4,057	3,724
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 45 días</i>	0,384	0,252	0,020	0,930
<i>VG Efect. Mat. Peso 45 días</i>	-0,095	0,447	-2,163	2,251
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 45 días</i>	0,359	0,211	0,010	0,890
<i>VG Efect. Dir. Peso 75 días</i>	0,181	1,234	-6,962	5,738
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 75 días</i>	0,393	0,257	0,020	0,940
<i>VG Efect. Mat. Peso 75 días</i>	0,027	0,800	-3,396	5,459
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 75 días</i>	0,371	0,226	0,020	0,900
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-30 días</i>	2,594	13,475	-86,308	75,793
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-30 días</i>	0,358	0,240	0,010	0,910
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-30 días</i>	-1,471	7,916	-42,776	46,165
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-30 días</i>	0,327	0,197	0,010	0,850
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-45 días</i>	2,873	14,938	-85,829	86,483
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-45 días</i>	0,382	0,251	0,020	0,930
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-45 días</i>	-1,764	9,082	-48,845	48,986
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-45 días</i>	0,357	0,211	0,010	0,880
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-75 días</i>	11,955	183,437	-905,161	1.288,049
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-75 días</i>	0,393	0,256	0,020	0,940
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-75 días</i>	25,500	142,313	-442,734	1.633,812
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-75 días</i>	0,372	0,226	0,020	0,900

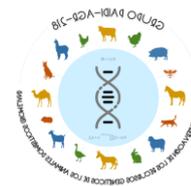


Tabla 2. Estadísticos descriptivos para los valores genéticos y sus fiabilidades con efectos directos y maternos para los caracteres peso al nacimiento, peso a los 30 días, peso a los 45 días, peso a los 75 días y ganancia media diaria de los 0 a los 75 días, de los 45 a los 75 días y de los 30 a los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

Hembras	Media	Desv. estándar	Mínimo	Máximo
<i>VG Efect. Dir. Peso 30 días</i>	0,079	0,257	-1,692	2,121
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 30 días</i>	0,216	0,195	0,010	0,660
<i>VG Efect. Mat. Peso 30 días</i>	-0,045	0,169	-0,970	0,901
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 30 días</i>	0,227	0,145	0,010	0,590
<i>VG Efect. Dir. Peso 45 días</i>	0,129	0,426	-2,604	3,413
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 45 días</i>	0,232	0,199	0,010	0,680
<i>VG Efect. Mat. Peso 45 días</i>	-0,083	0,304	-1,840	1,773
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 45 días</i>	0,259	0,163	0,010	0,640
<i>VG Efect. Dir. Peso 75 días</i>	0,111	0,766	-6,820	5,789
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 75 días</i>	0,238	0,204	0,010	0,690
<i>VG Efect. Mat. Peso 75 días</i>	-0,017	0,555	-3,600	8,525
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 75 días</i>	0,249	0,173	0,010	0,650
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-30 días</i>	2,487	8,187	-49,676	62,616
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-30 días</i>	0,212	0,192	0,000	0,660
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-30 días</i>	-1,496	5,066	-31,933	31,250
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-30 días</i>	0,227	0,151	0,010	0,590
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-45 días</i>	2,688	9,370	-53,323	70,616
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-45 días</i>	0,231	0,198	0,010	0,680
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-45 días</i>	-1,698	6,068	-37,029	36,813
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-45 días</i>	0,253	0,162	0,010	0,630
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-75 días</i>	-1,579	123,014	-900,268	2.085,975
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-75 días</i>	0,238	0,203	0,010	0,690
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-75 días</i>	13,239	103,250	-929,555	2.659,425
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-75 días</i>	0,250	0,172	0,010	0,650



Tabla 3. Parámetros genéticos y precisiones obtenidos para los criterios de selección de pesos a distintas edades en la raza Ovella Mallorquina.

	P30	P45	P75
Varianza aditiva directa (σ^2_{ad})	0.429	1.330	4.979
Varianza aditiva materna (σ^2_{am})	0.180	0.653	2.004
Covarianza directo materna (COV_{am})	-0.196	-0.755	-2.797
Varianza Ambiental Permanente (σ^2_{ep})	0.046	6.7×10^{-7}	1.54×10^{-5}
Varianza Ambiental (σ^2_e)	1.452	3.236	10.591
Heredabilidad directa (h^2_d)	0.22 ± 0.016	0.30 ± 0.017	0.34 ± 0.017
Heredabilidad materna (h^2_m)	0.09 ± 0.028	0.15 ± 0.027	0.14 ± 0.027

Tabla 4. Parámetros genéticos y precisiones obtenidos para los criterios de selección de pesos a distintas edades en la raza Ovella Mallorquina.

	GMD 0-30	GMD 0-45	GMD 0-75
Varianza aditiva directa (σ^2_{ad})	0.00043	0.00062	0.00088
Varianza aditiva materna (σ^2_{am})	0.00019	0.00029	0.00036
Covarianza directo materna (COV_{am})	-0.00023	-0.00035	-0.0005
Varianza Ambiental Permanente (σ^2_{ep})	5.42×10^{-6}	1.04×10^{-5}	1.05×10^{-8}
Varianza Ambiental (σ^2_e)	0.00156	0.00157	0.00190
Heredabilidad directa (h^2_d)	0.21 ± 0.016	0.29 ± 0.017	0.33 ± 0.017
Heredabilidad materna (h^2_m)	0.09 ± 0.027	0.14 ± 0.027	0.14 ± 0.026

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 $\geq 85\%$
- Grupo 2 (mejorante en prueba). Fiabilidad entre 75-84,9%
- Grupo 3 (mejorante Inicial). Fiabilidad entre 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 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:

$$IGD = VG_d \text{ Peso}45 * 1 + VG_d \text{ GMD0}_75 * 2,5 + 100$$

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:

$$IGM = VG_m \text{ Peso}30 * 2,5 + VG_m \text{ Peso}45 * 1 + VG_m \text{ GMD0}_45 * 1,5 + 100$$

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 catálogo de sementales de 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 5* se puede observar el ranquin de animales para los componentes directos, mientras que en la *tabla 6* 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 5. Ranquin de los 10 mejores sementales mejorantes en activo de la raza Ovella Mallorquina para los valores genéticos directos.

ID Semental	IGD	Rap IGD	Ranquin	Clasificación
A0040000724040000609818	3.320,50	0,62	1	Mejorante inicial
A0040000724040000017844	3.116,54	0,82	2	Mejorante en prueba
A0040000724040000339957	1.302,07	0,94	3	Mejorante probado
A0040000724040000526171	1.036,61	0,57	4	Mejorante inicial
A0040000724040000577940	1.035,89	0,72	5	Mejorante inicial
A0040000724040000559097	934,11	0,90	6	Mejorante probado
A0040000724040000376652	926,69	0,86	7	Mejorante probado
A0040000724040000594452	902,40	0,70	8	Mejorante inicial
A0040000724040000520563	896,75	0,87	9	Mejorante probado
A0040000724040000524701	874,72	0,62	10	Mejorante inicial

Rap: Fiabilidad de los valores genéticos.

Tabla 6. Ranquin de los 8 mejores sementales mejorantes de la raza Ovella Mallorquina para los valores genéticos maternos.

ID Semental	IGM	Rap IGM	Ranquin	Clasificación
A0040000724040000658579	178,65	0,66	1	Mejorante inicial
A0040000724040000658556	157,36	0,54	2	Mejorante inicial
A0040000724040000370406	154,08	0,67	3	Mejorante inicial
A0040000724040000658557	147,42	0,53	4	Mejorante inicial
A0040000724040000322350	144,79	0,56	5	Mejorante inicial
A0040000724040000658555	143,34	0,52	6	Mejorante inicial
A0040000724040000466454	132,13	0,50	7	Mejorante inicial
A0040000724040000667359	131,08	0,50	8	Mejorante inicial

Rap: Fiabilidad de los valores genéticos.



INFORME DE ACTUACIONES DESARROLLADAS PARA LA ASOCIACIÓN DE GANADEROS DE LA RAZA OVINA MALLORQUINA EN EL AÑO 2024 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 2024, 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, 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.



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.

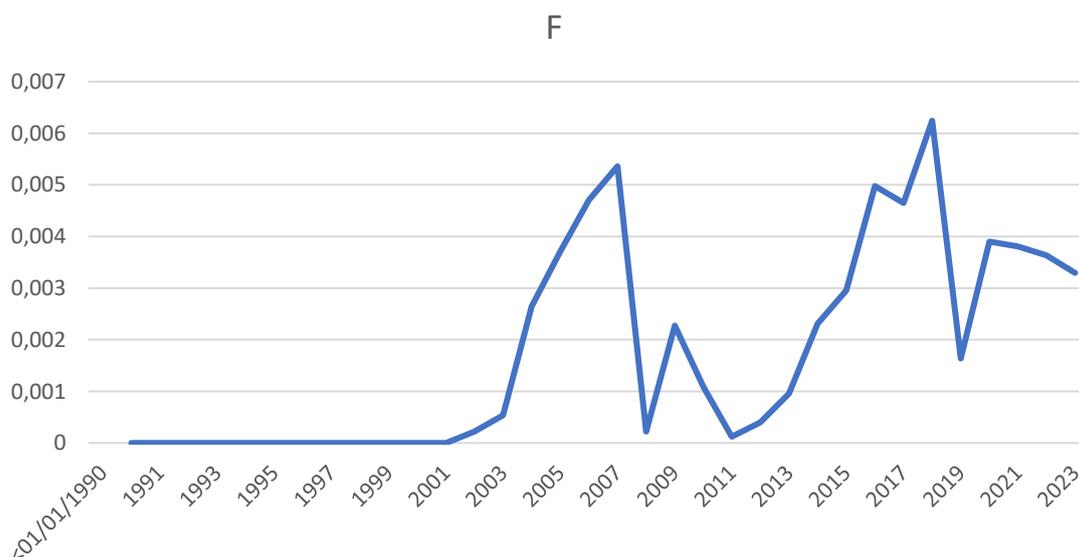


Figura 1. Evolución de los coeficientes de consanguinidad promedio.

En la figura 1 se puede observar la evolución de los promedios de consanguinidad y de conservación genética de los animales nacidos cada año desde el inicio de los registros hasta el año 2023. Si bien la tendencia de la



consanguinidad es, generalmente, creciente, en ningún caso se han alcanzado niveles que puedan ocasionar un perjuicio en la raza, con valores máximos próximos al 0,6% en el promedio de animales nacidos en 2018. A partir de entonces, hemos asistido a una fase de cierta estabilización, donde la gráfica varía poco con respecto a la generada en años anteriores, consecuencia de una buena gestión de los apareamientos. Los animales nacidos en el año 2024 en el momento de la evaluación se estaban a la espera de recibir los resultados de filiación por parte del laboratorio, por lo que no se incluyen en la figura.

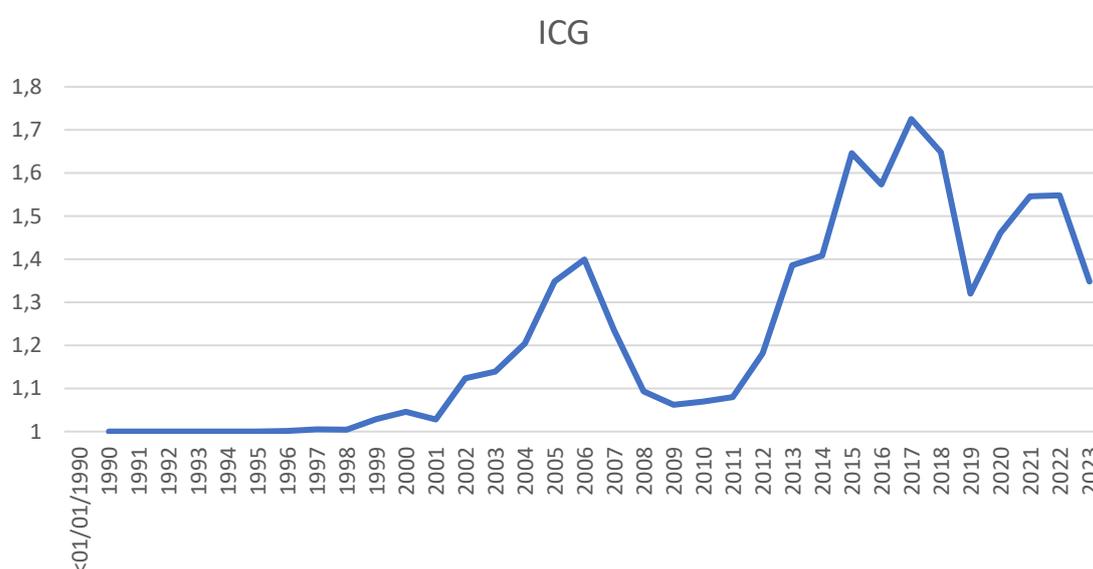


Figura 2. Evolución de los coeficientes de conservación genética promedios.

El comportamiento del coeficiente de conservación es, en general óptimo, ya que asistimos a un incremento significativo a través de las generaciones. Esto evidencia una buena utilización de los fundadores en la reproducción, manteniendo la genuinidad en la raza. Este crecimiento se detiene en torno al año 2018, a partir del cual se observa una leve tendencia decreciente. En poblaciones como la oveja mallorquina, que se acerca a los 19.000 animales activos, es difícil mantener niveles elevados del índice de conservación genética. Este es dependiente no solo del número de fundadores presentes en el pedigrí individual de un animal, sino que también está influenciado por la proximidad genealógica a estos. Es por ello que este índice es más informativo en poblaciones recién fundadas o en razas amenazadas de escasos efectivos y



problemas de diversidad genética. Los datos del 2024 no se incluyen por el mismo motivo expuesto en la evolución del coeficiente de consanguinidad promedio.

Debido a la falta de completitud del pedigrí, los resultados actuales de la evolución de los coeficientes promedio de consanguinidad y conservación genética son poco informativos y se referirían sobre todo a las explotaciones del núcleo selectivo, pues son las explotaciones donde se acumula el gran conocimiento de los datos genealógicos. El nivel de completitud del pedigrí en la primera generación (padres conocidos) es de aproximadamente del 22% y el nivel de completitud del pedigrí en la segunda generación (abuelos conocidos) es de aproximadamente el 6%. En el futuro, con el incremento de la información disponible, estas estimaciones mejorarán significativamente y serán unas herramientas de gran utilidad para el seguimiento del programa de conservación.

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.
- Baes, C. F., Makanjuola, 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.
- 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.