

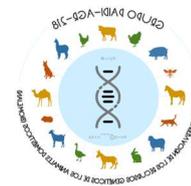


Grupo de investigación
PAIDI AGR-218 (BIOMEJAN)
Departamento de Genética
Universidad de Córdoba
Edificio C5, Campus de Rabanales
14071, Córdoba – España
juanviagr218gmail.com
Tlf.: +34957218706
+34608888772



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





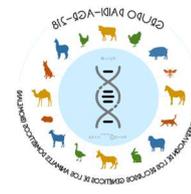
INFORME DE ACTUACIONES DESARROLLADAS PARA LA ASOCIACIÓN DE GANADEROS DE LA RAZA OVINA MENORQUINA EN EL AÑO 2022 BAJO LA ÓPTICA DE LA MEJORA

I. INTRODUCCIÓN

La raza ovina Menorquina está reconocida en peligro de extinción a pesar de que dispone de efectivos suficientes para ser considerada en tránsito para situarse fuera de peligro. De acuerdo con esta situación, los técnicos y especialistas, junto a los ganaderos, han determinado la necesidad de implementar un programa de conservación, el cual está en marcha desde hace casi una década. Si bien se comienza a realizar actuaciones de mejora como el control de rendimientos cárnicos y lecheros.

La Associació de l'ovella autòctona de menorca, 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) Esta Asociación de Ganaderos 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 Menorquina. 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.

El programa ha conseguido mantener los censos y los niveles de diversidad. A pesar de que se vienen realizando programas de control funcional, el principal objetivo de cría de la raza debe ser el mantenimiento de la diversidad



genética, para asegurar su supervivencia en el medio y largo plazo, como corresponde a un programa de conservación.

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 2022.

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.

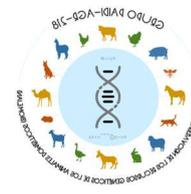
III. RESULTADOS. EVALUACIÓN GENÉTICA DE LOS CARACTERES DE PRODUCCIÓN Y COMPOSICIÓN DE LECHE EN LA RAZA OVINA MENORQUINA

Se presentan a continuación los resultados de la evaluación genética de la raza ovina Menorquina 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 producción de leche y componentes se realizó una evaluación genética desarrollada vía Modelo Animal con Observaciones Repetidas, con un archivo constituido por 2987 controles de lactaciones con información propia de producción de leche, grasa, proteína, lactosa y extracto seco. La distribución de los animales evaluados fue la siguiente:

- 47 sementales.



- 1340 madres.

Toda esta información perteneciente a animales de 3 ganaderías integradas en el núcleo de selección.

2.- Modelo de Análisis para la Evaluación Genética

Se aplicó en este caso para la estimación de los valores genéticos de los sementales un Modelo Animal con Observaciones Repetidas mediante la utilización del paquete informático MTDFREML (Boldman y cols., 1995). Los efectos incluidos en este modelo de análisis fueron:

- Efectos fijos:
 - Rebaño (3 niveles).
 - Año (7 niveles).
 - Mes de parto (12 niveles).
 - Tipo de parto (5 niveles).
- Covariable lineal y cuadrática: Edad de la oveja al momento del control.
- Efectos aleatorios:
 - Valor genético aditivo del animal.
 - Efecto Ambiental Permanente.
- Las variables de respuesta fueron la producción en kilogramos de leche y gramos de grasa, proteína, lactosa y extracto seco.

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 cada componente en la categoría de machos y de hembras, respectivamente. Por lactación estandarizada a 120 días.

Los valores genéticos individualizados se presentan en las tablas Excel anexas 1 y 2, ordenados de mayor a menor en las categorías de machos y de hembras, respectivamente, destacando en código de colores, con resultados más fiables resaltados en color verde y en colores rojos los menos fiables.

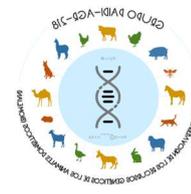


Tabla 1. Estadísticos descriptivos para los valores genéticos y sus fiabilidades para los caracteres leche, grasa, proteína, lactosa y extracto seco para los sementales de la raza ovina Menorquina.

	Machos	<i>Media</i>	<i>Desviación estándar</i>	<i>Mínimo</i>	<i>Máximo</i>
<i>VG Kilogramos Leche</i>		-0.2306	8.689	-29.601	19.743
<i>Rap VG Kilogramos Leche</i>		0.334	0.223	0.010	0.780
<i>VG Gramos grasa</i>		0.385	15.143	-43.315	37.927
<i>Rap VG Gramos Grasa</i>		0.323	0.217	0.010	0.760
<i>VG Gramos Proteína</i>		1.373	17.405	-35.947	54.087
<i>Rap VG Gramos Proteína</i>		0.336	0.223	0.010	0.780
<i>VG Gramos Lactosa</i>		1.674	6.997	-19.239	15.417
<i>Rap VG Gramos Lactosa</i>		0.326	0.219	0.010	0.770
<i>VG Gramos Extracto Seco</i>		3.506	30.973	-59.975	103.015
<i>Rap VG Gramos Extracto Seco</i>		0.326	0.219	0.010	0.770

Tabla 2. Estadísticos descriptivos para los valores genéticos y sus fiabilidades para los caracteres leche, grasa, proteína, lactosa y extracto seco para las hembras de la raza ovina Menorquina.

	Hembras	<i>Media</i>	<i>Desviación estándar</i>	<i>Mínimo</i>	<i>Máximo</i>
<i>VG Kilogramos Leche</i>		-0.179	5.931	-22.201	24.957
<i>Rap VG Kilogramos Leche</i>		0.319	0.224	0.000	0.740
<i>VG Gramos grasa</i>		0.609	21.741	-102.914	200.692
<i>Rap VG Gramos Grasa</i>		0.305	0.214	0.000	0.720
<i>VG Gramos Proteína</i>		1.306	16.186	-74.451	60.68.
<i>Rap VG Gramos Proteína</i>		0.320	0.225	0.000	0.750
<i>VG Gramos Lactosa</i>		0.372	8.823	-60.804	28.330
<i>Rap VG Gramos Lactosa</i>		0.310	0.217	0.000	0.730
<i>VG Gramos Extracto Seco</i>		2.391	35.280	-217.603	216.425
<i>Rap VG Gramos Extracto Seco</i>		0.310	0.217	0.000	0.730

IV. RESULTADOS. EVALUACIÓN GENÉTICA DE PESOS Y CRECIMIENTOS EN LA RAZA OVINA MENORQUINA 2022



Se presentan a continuación los resultados de la evaluación genética de la raza ovina menorquina 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 en 14553 animales presentes en la matriz de parentescos. La distribución de los animales evaluados fue la siguiente:

- 191 sementales.
- 1675 madres.

Para ello se utilizó la información productiva de los 730 corderos con información propia de pesos y ganancias medias diarias, lo que equivale a un total 3184 pesadas tipificadas para el peso a 30 días, 45 días y 75 días.

Toda esta información perteneciente a animales de 5 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 (5 niveles).
 - Año de parto (6 niveles: 2017-2022).
 - Época de parto (con cuatro niveles, primavera, verano, otoño e invierno).
 - Sexo del cordero (2 niveles: macho y hembra).
 - Tipo de parto (4 niveles).

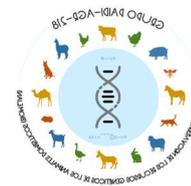


- Efectos aleatorios:
 - Valores genéticos directo y materno.
 - Efecto ambiental permanente (la madre).
- Las variables de respuesta fueron: Peso a los 30, 45 y 75 días y sus respectivas Ganancias Medias Diarias 0-30, 0-45 y 0-75.

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.

Los valores genéticos individualizados se presentan en las tablas Excel anexas 3, 4 y 5, ordenados de mayor a menor en las categorías de machos, de hembras y de corderos, respectivamente, destacando en código de colores los animales con resultados más fiables resaltados en color verde y en colores rojos los menos fiables.

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 (en kg) 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 (en gr/día) para los sementales de la raza ovina menorquina, respectivamente.



Machos	Media	Desviación estándar	Mínimo	Máximo
<i>VG Efect. Dir. Peso 30 días</i>	0.099	0.590	-1.463	2.579
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 30 días</i>	0.108	0.182	0.000	0.780
<i>VG Efect. Mat. Peso 30 días</i>	-0.109	0.441	-1.960	0.850
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 30 días</i>	0.162	0.136	0.020	0.630
<i>VG Efect. Dir. Peso 45 días</i>	0.053	0.768	-2.851	2.685
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 45 días</i>	0.158	0.236	0.010	0.920
<i>VG Efect. Mat. Peso 45 días</i>	-0.096	0.662	.2.293	2.009
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 45 días</i>	0.249	0.194	0.030	0.830
<i>VG Efect. Dir. Peso 75 días</i>	0.062	1.005	-4.851	3.031
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 75 días</i>	0.128	0.199	0.010	0.840
<i>VG Efect. Mat. Peso 75 días</i>	-0.429	0.768	-3.093	1.392
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 75 días</i>	0.166	0.171	0.020	0.770
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-30 días</i>	4.407	19.187	-39.792	88.275
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-30 días</i>	1.104	0.181	0.000	0.770
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-30 días</i>	-3.299	13.680	-61.401	24.930
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-30 días</i>	0.156	0.145	0.020	0.670
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-45 días</i>	2.629	11.393	-23.720	50.222
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-45 días</i>	0.122	.0191	0.000	0.820
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-45 días</i>	-1.371	8.407	-33.682	18.536
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-45 días</i>	0.179	0.159	0.020	0.730
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-75 días</i>	8.379	56.680	-234.918	168.327
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-75 días</i>	0.129	0.198	0.010	0.840
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-75 días</i>	-33.856	59.815	-241.543	57.872
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-75 días</i>	0.166	0.171	0.020	0.770

Tabla 2. 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 (en kg) 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 (en gr/día) para las hembras reproductoras de la raza ovina menorquina, respectivamente.



Hembras	Media	Desviación estándar	Mínimo	Máximo
<i>VG Efect. Dir. Peso 30 días</i>	0.039	0.400	-1.424	2.141
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 30 días</i>	0.087	0.133	0.000	0.480
<i>VG Efect. Mat. Peso 30 días</i>	-0.067	0.307	-1.267	0.712
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 30 días</i>	0.151	0.103	0.000	0.410
<i>VG Efect. Dir. Peso 45 días</i>	-0.056	0.570	-2.840	4.043
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 45 días</i>	0.136	0.174	0.000	0.670
<i>VG Efect. Mat. Peso 45 días</i>	-0.026	0.539	-2.047	2.250
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 45 días</i>	0.241	0.154	0.000	0.630
<i>VG Efect. Dir. Peso 75 días</i>	-0.052	0.858	-5.188	3.078
<i>Rap VG Efect. Dir. Peso 75 días</i>	0.107	0.145	0.000	0.530
<i>VG Efect. Mat. Peso 75 días</i>	-0.289	0.910	-2.823	9.534
<i>Rap VG Efect. Mat. Peso 75 días</i>	0.150	0.124	0.000	0.490
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-30 días</i>	2.372	12.859	-36.814	67.962
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-30 días</i>	0.084	0.132	0.000	0.470
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-30 días</i>	-2.057	9.435	-37.146	20.266
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-30 días</i>	0.143	0.106	0.000	0.420
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-45 días</i>	0.979	7.710	-23.402	42.903
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-45 días</i>	0.101	0.139	0.000	0.510
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-45 días</i>	-0.600	6.121	-23.072	18.102
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-45 días</i>	0.166	0.119	0.000	0.470
<i>VG Efect. Dir. GMD 0-75 días</i>	-3.076	62.416	-518.368	233.469
<i>Rap VG Efect. Dir. GMD 0-75 días</i>	0.109	0.143	0.000	0.530
<i>VG Efect. Mat. GMD 0-75 días</i>	-22.460	73.821	-237.496	950.341
<i>Rap VG Efect. Mat. GMD 0-75 días</i>	0.150	0.124	0.000	0.490



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

V. INTRODUCCIÓN

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

VI. 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, por lo que nos interesa disponer de alguna herramienta para 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.



VII. 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.- Clasificación 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.

VIII. 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.

IX. 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 1987 y 2022. En los últimos años se ha observado un ligero incremento de la consanguinidad media de la población, que se debe solucionar mediante la selección de los reproductores y utilizando la tabla de apareamientos recomendados anexa al presente informe.

En la figura 2 podemos observar que el comportamiento del coeficiente de conservación es óptimo, ya que asistimos a un incremento significativo a través de las generaciones. Esto significa una buena utilización de los fundadores en la reproducción, manteniendo la genuinidad en la raza.

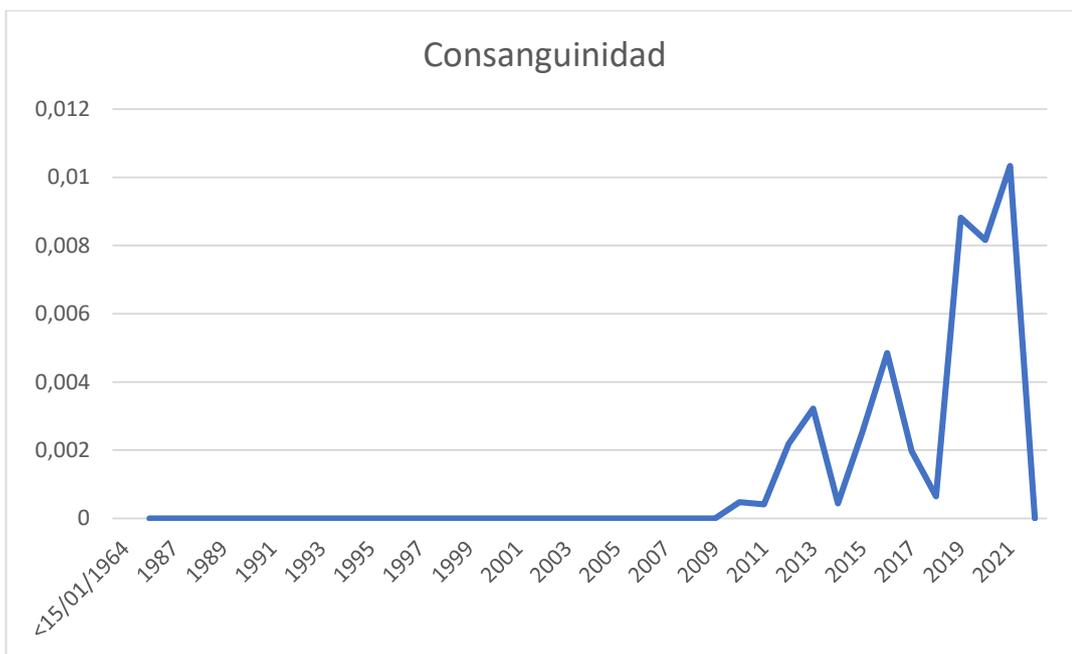


Figura 1. Evolución de los coeficientes de consanguinidad promedio.

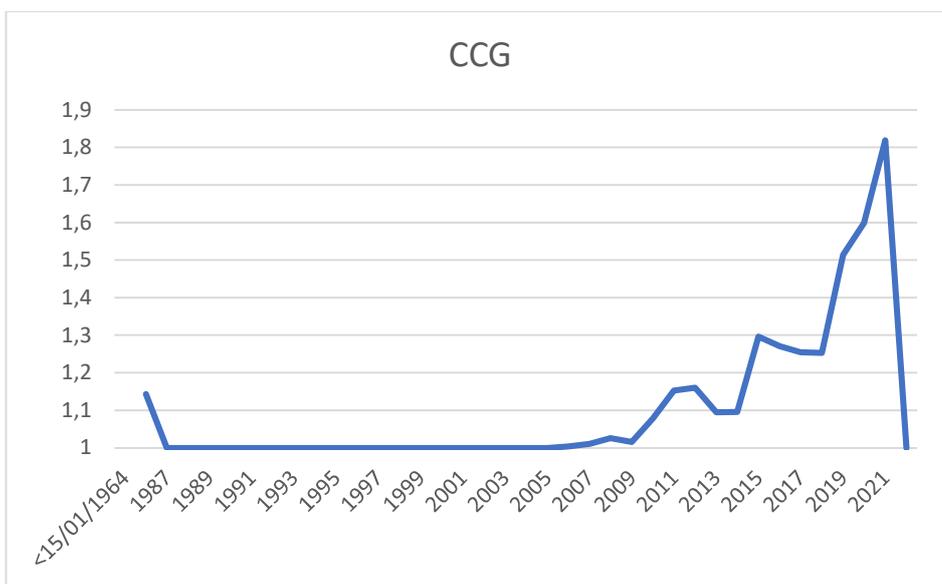


Figura 2. Evolución de los coeficientes de conservación genética promedios.



X. PROPUESTA DE SEMENTALES PARA CONSERVAR EN EL BANCO

Se proponen como sementales a conservar el primer tercil del ranquin de machos vivos para el índice combinado. Cuando el valor del índice combinado para los animales en la cola del primer tercil 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 porcentaje de asignación a la raza y no se encuentren en el mismo rebaño que otros individuos recomendados.

- A0040000724040000584729
- A0040000724040000584330
- A0040000724040000585721
- A0040000724040000583955
- A0040000724040000546728
- A0040000724040000547234
- A0040000724040000547233
- A0040000724040000372716



XI. 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