



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 ROJA MALLORQUINA





INFORME DE ACTUACIONES DESARROLLADAS PARA LA ASOCIACIÓN DE GANADEROS DE LA RAZA OVINA ROJA MALLORQUINA EN EL AÑO 2024 BAJO LA ÓPTICA DE LA CONSERVACIÓN

I. INTRODUCCIÓN

En esta primera parte del informe se presentan los resultados del estudio demográfico correspondiente con los animales existentes en el histórico del libro genealógico de la raza del año 2024. 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; y en segundo término se presentan los resultados de un tercer criterio de selección que es el coeficiente de coascendencia, el cual nos permite 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.

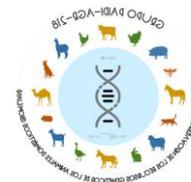
El coeficiente de conservación genética cumple este requisito ya que tiene en cuenta los animales fundadores y las segregaciones ocurridas entre ellos y el individuo en cuestión. La fórmula de cálculo del coeficiente de conservación genética sería: $CCG = 1 / \sum p_i^2$

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.- 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 las tablas Excel anexas 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 como referencia, utilizando el orden resuelto en su evaluación genética. En la tabla general, presentamos para cada hembra, los apareamientos con los distintos 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.

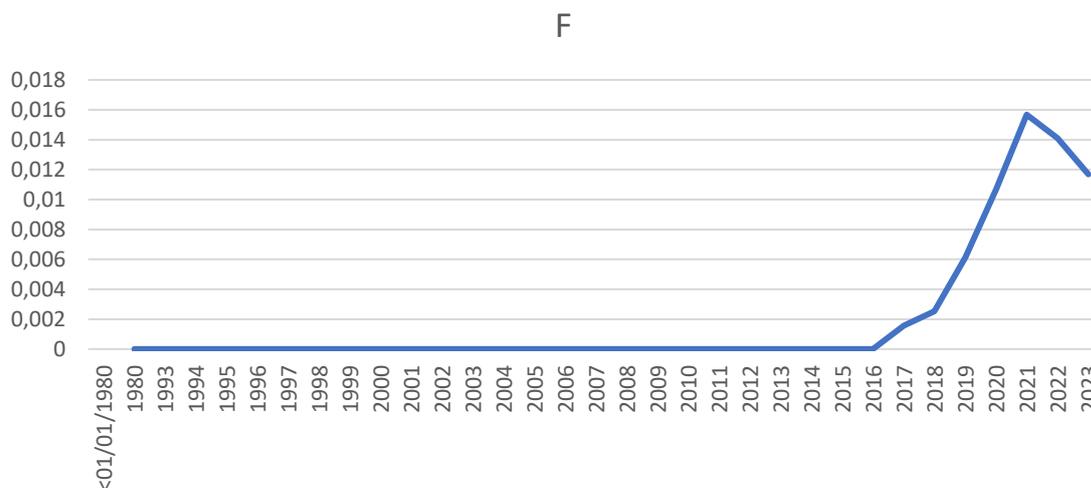


Figura 1. Evolución de los coeficientes de consanguinidad promedio.



En la figura 1 se puede observar la evolución de los promedios de consanguinidad de los animales nacidos cada año, entre el periodo 1980 y 2023. Nuestros resultados indican que partir de 2017 se han tenido datos genealógicos para poder realizar un control de la consanguinidad de forma eficiente. La gráfica muestra una evolución continuista respecto a años anteriores, pues se está consiguiendo contener o, incluso, disminuir los niveles de consanguinidad de los animales nacidos. 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.

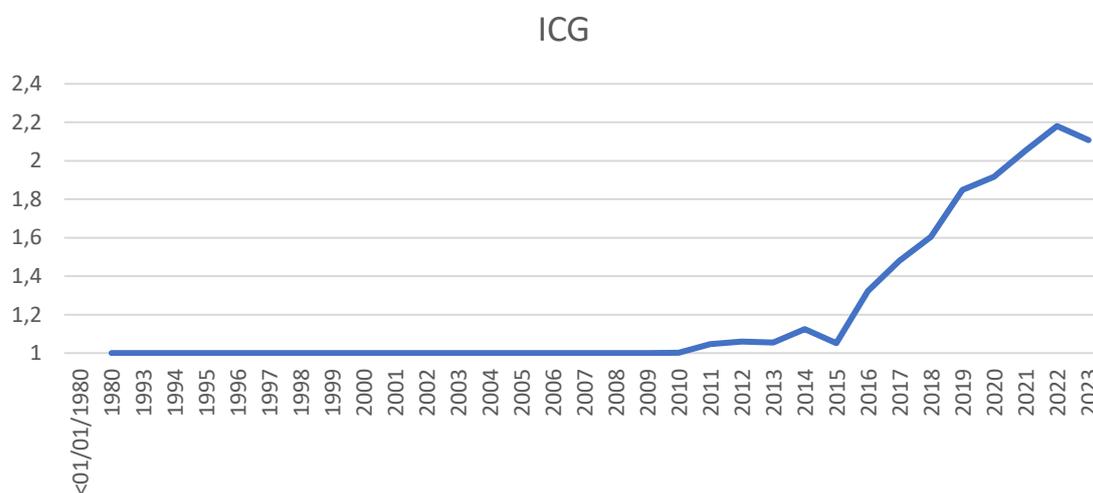


Figura 2. Evolución de los coeficientes de conservación genética promedios.

En la figura 2 podemos observar que el coeficiente de conservación ha tenido una tendencia creciente desde el 2015 hasta el 2022 (comportamiento óptimo), ya que asistimos a un incremento significativo a través de las generaciones. Esto evidencia una buena utilización de los genes fundadores en los apareamientos, manteniendo así la genuinidad en la raza. No obstante, durante el último año del que se disponen registros completos (2023), se aprecia una tendencia levemente decreciente, en contraste con los años anteriores. 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. El nivel de completitud del pedigrí en la primera generación (padres conocidos) es de aproximadamente del 48% y el nivel de completitud del pedigrí en la segunda generación (abuelos conocidos) es de aproximadamente el 7%. 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.

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 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 no se encuentren en el mismo rebaño que otros individuos recomendados.

- A0040000724040000668333
- A0040000724040000684140
- A0040000724040000667004
- A0040000724040000667003
- A0040000724040000685715
- A0040000724040000624515
- A0040000724040000667005
- A0040000724040000677710
- A0040000724040000565688
- A0040000724040000624517
- A0040000724040000679785



- A0040000724040000591488
- A0040000724040000591489
- A0040000724040000599992
- A0040000724040000624516
- A0040000724040000624514
- A0040000724040000684137
- A0040000724040000679784
- A0040000724040000673976



INFORME DE ACTUACIONES DESARROLLADAS PARA LA ASOCIACIÓN DE GANADEROS DE LA RAZA OVINA ROJA MALLORQUINA EN EL AÑO 2024 BAJO LA ÓPTICA DE LA MEJORA

Si bien en el año 2022 se efectuó una evaluación genética de los caracteres vinculados a la producción y composición de la leche, y debido que se han incorporado nuevos datos provenientes de los controles lecheros realizados durante el año 2024, se ha realizado un análisis exhaustivo de la información disponible, y se ha resuelto no llevar a cabo la evaluación genética correspondiente al ejercicio del año 2024, pues la calidad de la información es todavía insuficiente para poder realizar el procedimiento estadístico del mejor predictor lineal insesgado (BLUP), destacando los siguientes apartados como propuesta de mejora, para próximos ejercicios:

- Incluir un mayor número de ganaderías dentro del programa del control de rendimientos, que actualmente cuenta con una sola explotación. Realizar una evaluación genética con el método BLUP disponiendo de información de una sola ganadería no tiene fundamento, pues consideramos un único ambiente (la explotación).
- Aumentar la completitud de la información. Una quinta parte de las observaciones carecen de los componentes analíticos de la leche (grasa, proteína y lactosa) y células somáticas, parámetros sujetos a evaluación.
- Aumentar el número de controles por lactación. De las 900 lactaciones de las que tenemos registros, 115 tienen tan solo un control y 377 disponen de tan solo dos controles. Menos de la mitad disponen de tres controles, requisito estandarizado para poder trazar una curva de lactación.



De esta manera, se insta a la asociación a seguir recogiendo información para alcanzar los mínimos necesarios para correr la evaluación genética.

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: CABI, p.18-29.
- Baes, C. F., Mankanjuola, 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