

LA ESTRUCTURA POBLACIONAL EN BASE A LA INFORMACIÓN GENEALÓGICA



ISABEL CERVANTES NAVARRO
Departamento de Producción Animal
Universidad Complutense de Madrid

Información Genealógica



- **Libro Genealógico:** lugar donde se inscriben los animales de una raza determinada haciendo mención a sus ascendientes
- **Estructura necesaria** de la información (animal, padre, madre, fecha nacimiento, sexo, ganadería....)
- **Población total y población de referencia**
- **Calidad** de la información genealógica*

* Se ha utilizado una base de datos completada por los ganaderos veteranos y miembros de la Comisión de la Raza



Material



- Libro Genealógico oficial completado hasta 2010.
 - Total de animales: **3735** (1953 machos y 1782 hembras)
 - Población de referencia: **2117** (1090 machos y 1027 hembras)
- Oficial vs Completado
 - Total de animales en oficial: **3619**
 - Se completaron 116 antepasados
- Programa Endog v8.0



Intervalo Generacional



- Edad media de los padres cuando nacen sus descendientes que luego serán reproductores

	Tipo	N	IG \pm s.d.
Sementales	Padre-hijo	230	12,33
	Padre-hija	519	12,03
Yeguas	Madre-hijo	214	9,40
	Madre-hija	510	9,37
	Total	1473	10,77

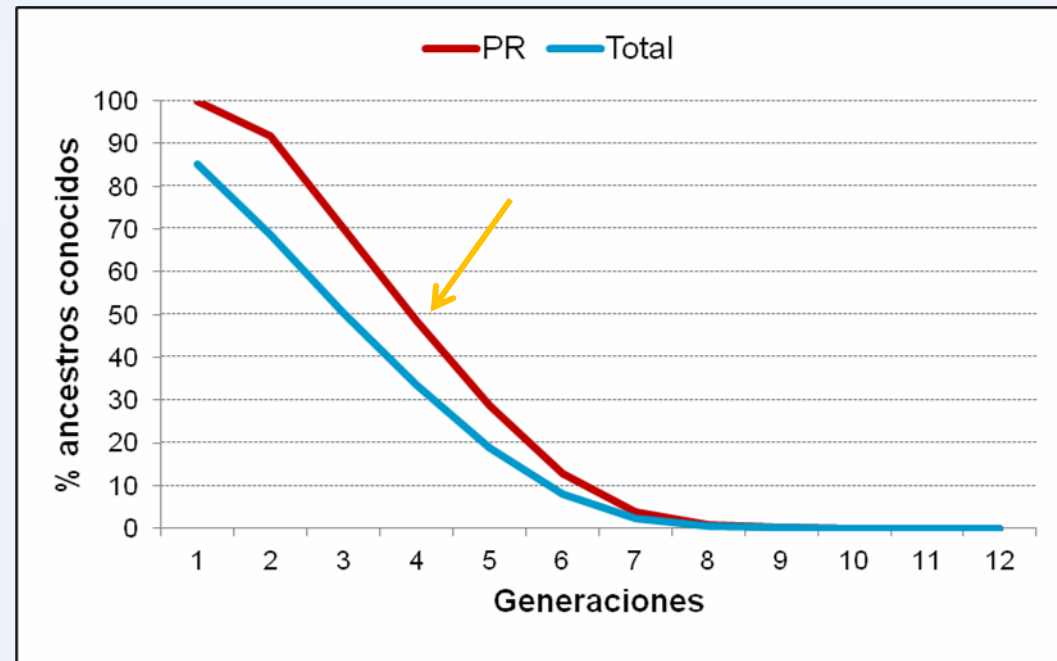
- Población de referencia: nacidos últimos 11 años (2117 animales)



Calidad del Pedigrí



- % de ancestros conocidos por generación



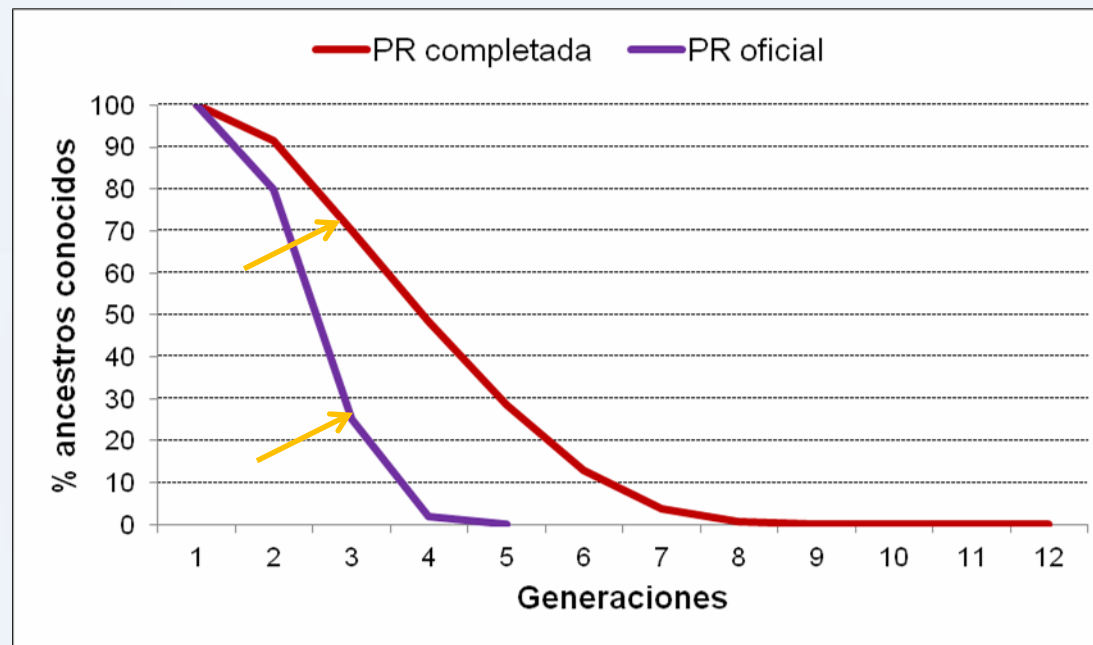
PR: Población de referencia



Calidad del Pedigrí



- % de ancestros conocidos por generación
– Oficial vs Completada

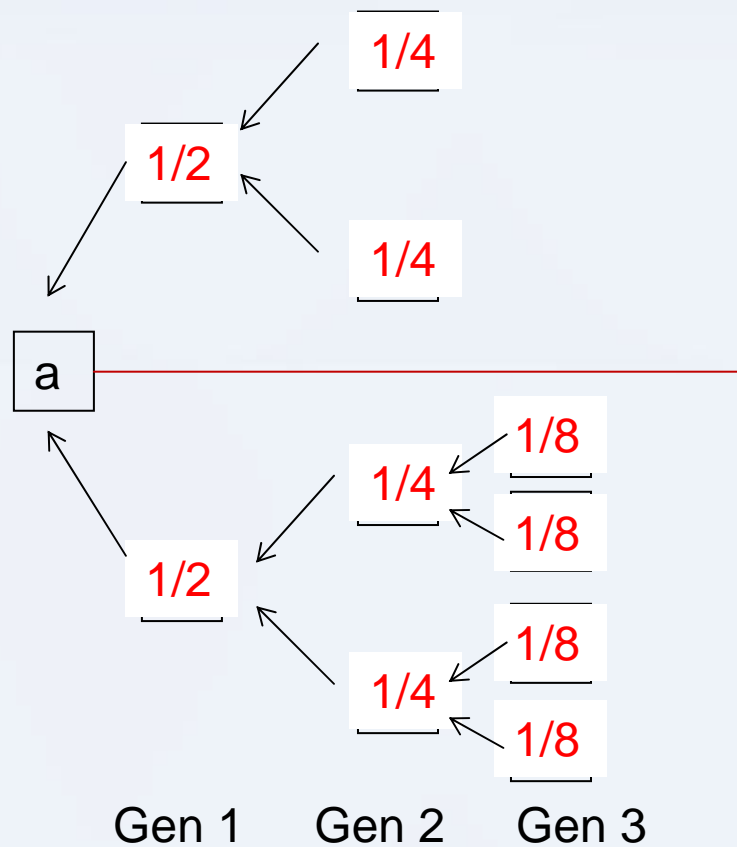


PR: Población de referencia



Calidad del Pedigrí

- Número equivalente de generaciones completas



$$t = \sum_1^a \left(\frac{1}{2} \right)^{n_a}$$

2,5 generaciones equivalentes completas

Calidad del Pedigrí



- Número equivalentes de generaciones completas
 - Oficial vs Completada
 - Completada:
 - **3,56** generaciones para la **población de referencia**
 - 2,67 generaciones para la población total
 - Oficial
 - **2,07** generaciones para la **población de referencia**
 - 1,52 generaciones para la población total



Consanguinidad y Relación Media



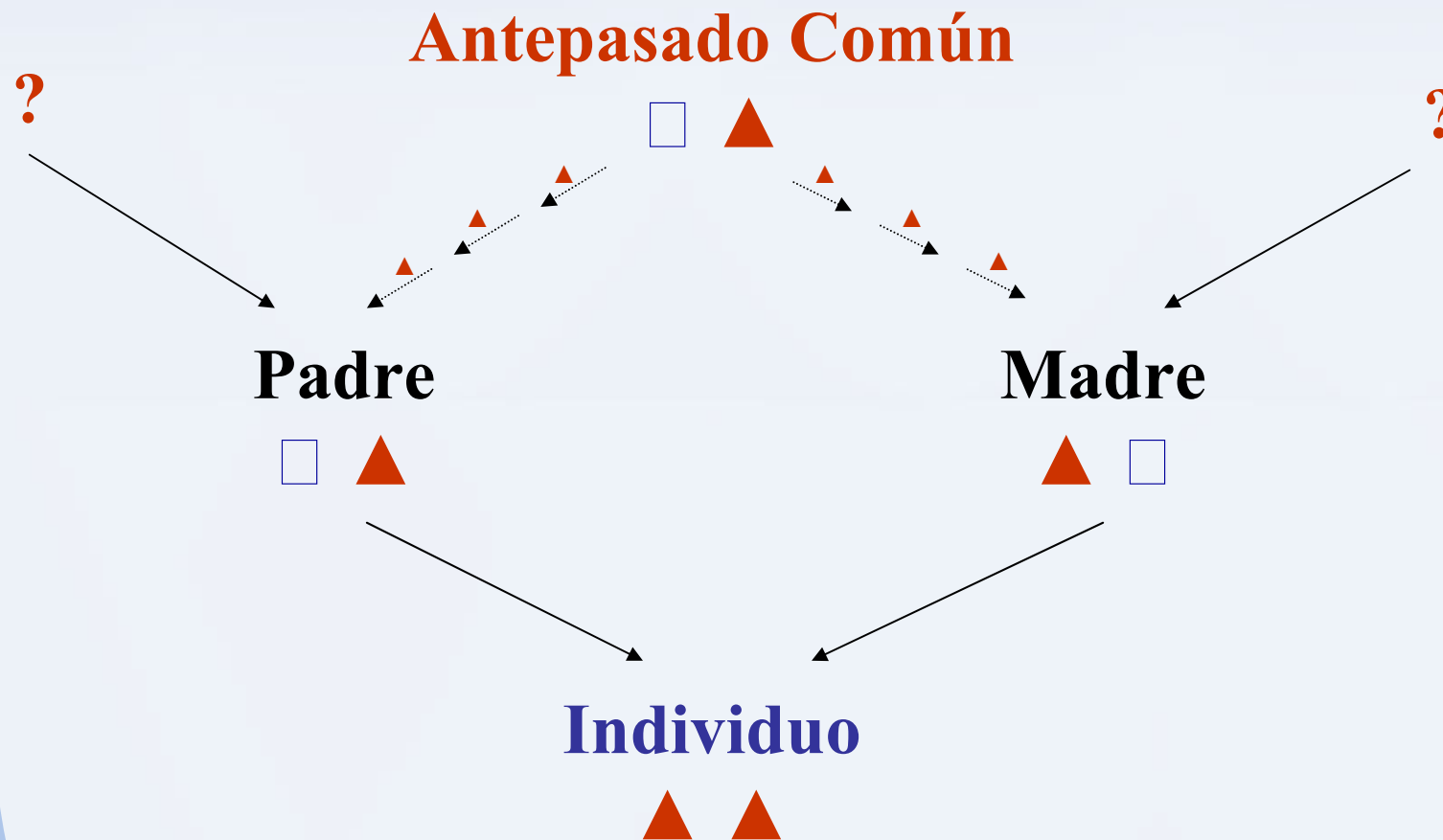
- **Coeficiente de consanguinidad:** la probabilidad de que un individuo posea dos alelos idénticos por descendencia para un determinado gen
- **Coeficiente de relación media:** la probabilidad de que un alelo escogido al azar de la población pertenezca a ese individuo



Consanguinidad



- El coeficiente de consanguinidad (F) **a nivel individual:**



Consanguinidad



- **A nivel poblacional:**

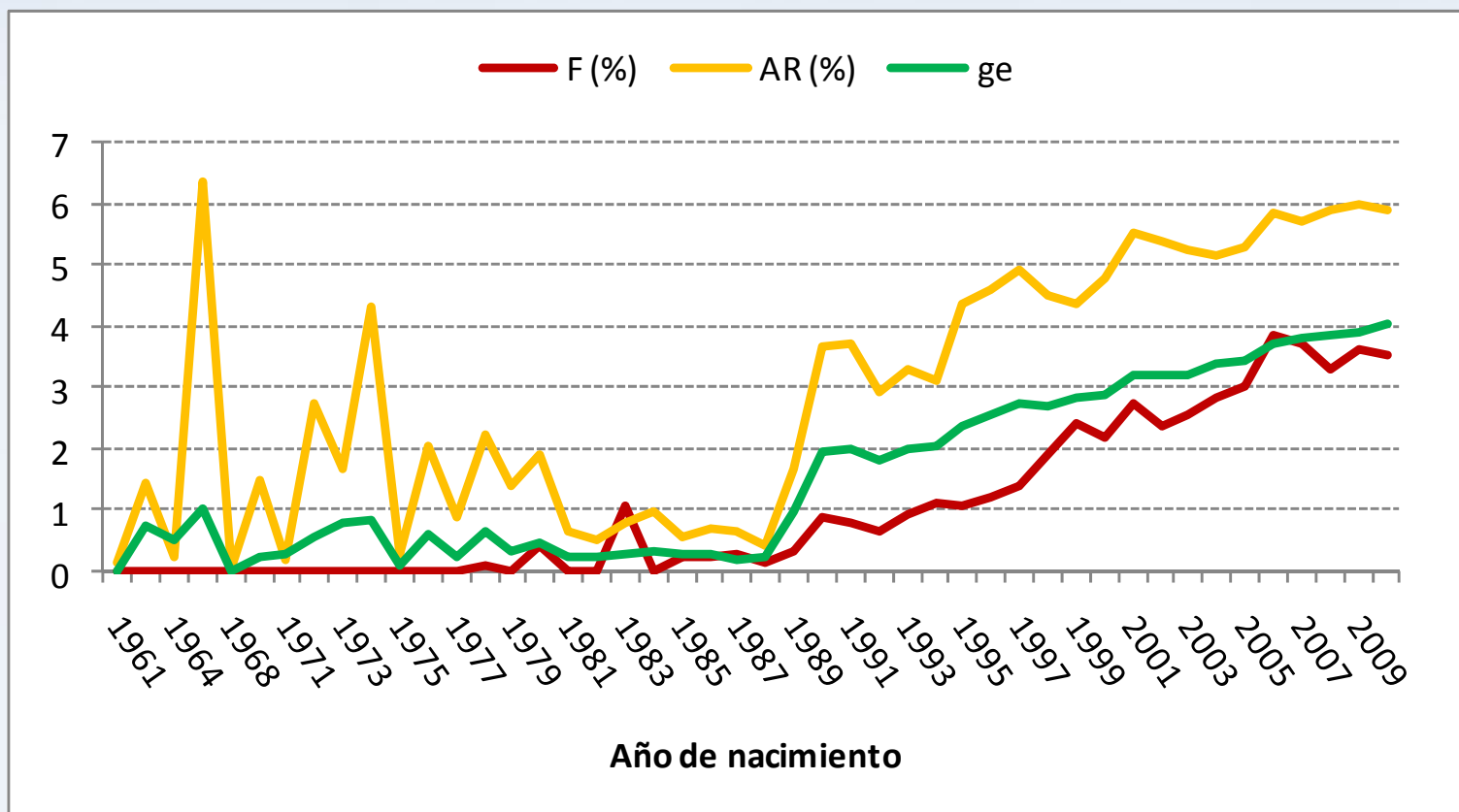
- Representa el porcentaje de los genes que eran heterocigotos en la población original y que por los efectos de la consanguinidad han pasado a ser **homocigotos**.
- Es la **media de consanguinidad** de los individuos presentes en la población.
- Se puede ver la **evolución** del nivel de consanguinidad en el transcurso de los años.
- El valor medio se puede usar para determinar el **estado** de una población.



Consanguinidad y Relación Media



- Evolución



F: Consanguinidad; AR: Coeficiente de relación media;
ge: número de generaciones equivalentes completas



Consanguinidad y Relación Media



- Valores Medios población de referencia
 - Oficial vs Completada
 - Completada:
 - Consanguinidad: **3,11%**
 - Coeficiente de Relación Media: **5,57%**
 - Oficial
 - Consanguinidad: ~~0,93%~~
 - Coeficiente de Relación Media: **1,96%**



Tamaño o censo efectivo de población



- El **número de individuos** que daría lugar a la **tasa de consanguinidad** observada, si dichos individuos se reprodujeran en la manera indicada en la **población ideal**.
- **Referencia** en organismos internacionales como la FAO para decidir la **situación de riesgo** de una población ($N_e < 50$)



Tamaño o censo efectivo de población



Parámetro	Completada	Oficial
Número efectivo basado en incrementos de consanguinidad individual	43,83	60,22
Número efectivo basado en incrementos de coascendencia	50,11	78,82
Ratio	1,14	1,31



Probabilidad de origen de los genes



- Fundador: Antecesor con padre y madre desconocidos
- Ancestro: Individuos que tiene influencia en la población por aportar una parte de la variabilidad genética encontrada en la misma con genealogía conocida o no



Probabilidad de origen de los genes



Parámetro	Valor
Número de fundadores	286
Acestros que explican el 100% de la variabilidad genética	234
Acestros que explican el 50% de la variabilidad genética	13
Número efectivo de fundadores	35
Número efectivo de ancestros	26
Número efectivo de genomas fundadores	13,85



Probabilidad de origen de los genes

- 5 ancestros que mayor variabilidad genética han aportado a la población de referencia

Nombre	Contribución Genética (%)
-TORRENCADA	13,32
-SON QUART	10,47
MORO-SON ERMITA	5,48
-ES CARAVALLONS	3,81
FLOR-BINIDONAIRE	3,48



Tipo de ganaderías



- Núcleo: el criador utiliza únicamente sus propios sementales en la cría, no usa los sementales de otras ganaderías aunque sí venden reproductores
- Multiplicador: el criador además de utilizar sementales de otras ganaderías pone a la venta los suyos propios
- Comercial: utilizan únicamente sementales externos. Se abastece de la genética de otras ganaderías sin ofrecer sus productos a los demás.



Tipo de ganaderías



Tipo	Usa sementales de fuera	Usa sementales propios	Vende sementales	% de ganaderías	% sementales externos
N	No	Si	Si	0	0
M	Si	Si	Si	25	76
M	Si	No	Si	39	100
C	Si	Si	No	2,4	83
C	Si	No	No	34	100

N: núcleo; M:multiplicador; C:comercial

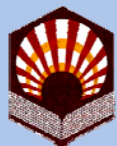


Flujo de genes



Ganadería	Tipo	Nº inscritos	% Semental propio	% Semental externo	Nº inscritos Semental de la ganadería	% Semental dentro	% Semental fuera
G1	M	115	13,04	86,96	25	60,00	40,00
G2	M	61	3,28	96,72	76	2,63	97,37
G3	M	58	8,62	91,38	16	31,25	68,75
G4	M	56	7,14	92,86	16	25,00	75,00
G5	M	48	6,25	93,75	39	7,69	92,31
G6	M	48	25,00	75,00	85	14,12	85,88
G7	M	47	40,43	59,57	22	86,36	13,64
G8	M	45	51,11	48,89	243	9,47	90,53
G9	M	43	2,33	97,67	3	33,33	66,67
G10	M	43	23,26	76,74	26	38,46	61,54

M: multiplicador



Conclusiones



- Podemos considerar que la raza, dada la juventud de su Libro Genealógico, presenta un **adecuado registro** de genealogía, **que una vez completado**, han permitido realizar un **análisis fiable** de los parámetros de variabilidad genética.
- Aunque los valores de consanguinidad no son elevados, si lo son si lo comparamos con el **corto número de generaciones** en la que ha sido alcanzada (**3,11%** en menos 4 generaciones).
- La comparación de los valores de consanguinidad y AR, han indicado **una cierta tendencia de apareamientos entre individuos emparentados** por lo que se recomienda un adecuada control de la misma.



Conclusiones



- Esto fue corroborado con el valor de **tamaño efectivo realizado (43,83)**, siendo un valor inferior al dintel marcado en la bibliografía para clasificar una **raza en peligro**.
- Además el análisis de la probabilidad de origen de los genes indicó la presencia de **cuellos de botella** en la historia de la raza. Por lo que se recomienda un mantenimiento de la diversidad genética actual, evitando la aparición de los mismos.



Conclusiones



- Por otro lado, en líneas generales, en la población de PRMe, existe una **conexión genética adecuada** entre las ganaderías sobre todo debido a la facilidad de movimiento de los animales al estar circunscritos a un área geográfica determinada.
- Esto nos asegura la **difusión de la mejora y nos facilita la gestión genética** de la población para el control de la consanguinidad mediante la utilización de reproductores externos en las ganaderías.
- No obstante, esa **falta de dispersión** de los individuos en otras regiones y el bajo censo junto con el bajo tamaño efectivo suponen un **riesgo** para la población, ya que en caso de un problema sanitario o de cualquier otra índole toda la cabaña se podría ver afectada.

