



León, J.M.<sup>1</sup>, J.V. Delgado<sup>1</sup>, J. Pleguezuelos<sup>2</sup>, E. Martínez<sup>2</sup> y C. Barba<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Genética. Universidad de Córdoba. Campus Universitario de Rabanales, 14071-Córdoba (España).

<sup>2</sup> Asociación Nacional de Criadores de Caprino de Raza Murciano-Granadina, Caserío de San Pedro s/n, 18220 Albolote (Granada).

<sup>3</sup> Sanidad Animal y Servicios Ganaderos, S.A. Sevilla.

## Estudio de los niveles de consanguinidad en núcleo de selección de la raza murciano granadina

### 1. INTRODUCCIÓN

Las razas autóctonas se constituyen en parte integrante del patrimonio histórico y cultural de un país, y su salvaguarda representa una prioridad indiscutible. La variabilidad genética de las razas autóctonas engloba, por un lado, la variabilidad inter-racial (diversidad entre razas) y por otro, la variabilidad intra-racial (diversidad dentro de cada raza). De este modo, una disminución de la diversidad genética puede derivar en un descenso de la variabilidad inter-racial, asociada a la extinción de una raza, o bien a una disminución de la variabilidad intra-racial, sujeta, por ejemplo, a un incremento de la consanguinidad en una determinada raza.

La diversidad genética intra-racial integra la variabilidad genética de las poblaciones de interés zootécnico y la biodiversidad global, siendo el mantenimiento de esta diversidad imprescindible, tanto para implementar programas de conservación (Adán y cols., 2007) como para el desarrollo de un programa de mejora genética eficaz (Oldenbroek, 1999), ya que la respuesta esperada a la selección es directamente proporcional a la variabilidad genética existente.

Así pues la adecuada gestión de la diversidad genética de una raza es fundamental para su futura utilización de un modo sustentable (UNEP, 1992), siendo imprescindible su caracterización demográfica a la hora de afrontar el diseño de una estrategia correcta para su utilización. Según Gama (2002), la caracterización de un sistema de producción, incluyendo el profundo conocimiento de la estructura demográfica de una raza, debe constituirse en la primera etapa de cualquier programa de mejora genética. Por tanto, la conservación o utilización sostenible de los recursos

genéticos, conlleva el mantenimiento de un número mínimo de animales de manera que se garantice la supervivencia de una determinada raza y permita además su reconstitución cuando sea preciso (Matos y Bettencourt, 1995).

Según Khang (1983), Barker y cols. (1998), Rochambeau y cols. (2000), Caballero y Toro (2000), Gutiérrez y cols. (2003) y Gandini y cols. (2004), entre otros autores, la variabilidad genética de una población puede ser estudiada a través del análisis de los datos genealógicos, de la estimación de los parámetros genéticos de caracteres productivos de interés económico o a través de la utilización de marcadores moleculares. Esta última metodología ha tenido una gran aplicación en los últimos años, habiéndose desarrollado esta técnica tanto en animales domésticos como en las especies salvajes (Shriver y cols., 1997; Götz y Thaller, 1998; MacHugh y cols., 1998, Martínez y cols., 2003).

El análisis demográfico nos permite describir la estructura y la dinámica de una población si consideramos un grupo de individuos en permanente renovación y teniendo en cuenta su *pool* de genes (Gutiérrez y cols., 2003). Por tanto, el análisis de las genealogías se constituye en una metodología importante de caracterización de poblaciones, ya que describe la variabilidad genética y su evolución a lo largo de las generaciones.

En el caso que nos ocupa, la población caprina granadina se prepara para iniciar un programa selectivo con garantías de éxito, habiendo desarrollado la Asociación Nacional de Criadores de Caprino de Raza Murciano Granadina para ello un laboratorio de reproducción asistida en colaboración con la Diputación de Granada, así como un laboratorio de Genética Molecular Aplicada con la Diputación de Córdoba y el Grupo AGR-218 de la Universidad de Córdoba, los cuales garantizan el control de genealogías

y la conexión genética de los rebaños mediante en empleo de inseminación artificial con semen fresco y congelado.

Dentro del proceso de adaptación de la raza para el esquema de selección destacan los estudios sobre los niveles de consanguinidad esperada que la población Murciano Granadina viene acumulando a lo largo de tiempo. Contando con esta información se puede, no solo inferir como va a comportarse la consanguinidad en las próximas generaciones, sino también hacer predicciones temporales bastante precisas de cuando se van a alcanzar momentos críticos en la población, pudiendo prevenir fenómenos desfavorables, motivados por alcanzar los umbrales peligrosos de endogamia.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Para la realización de estos análisis se utilizó como fuente de información, el contenido de las bases de datos incluidas en el programa de gestión del Libro Genealógico de la raza, y que suponían un total de 86.804 individuos.

Fueron calculados los coeficientes de consanguinidad individual ( $F_i$ ) y el grado de parentesco entre individuos ( $a_{ij}$ ), utilizándole para ello el método tabular de (Gama, 2002), teniendo en cuenta que:

$$a_{ij} = \frac{1}{2} (a_i \cdot \text{Padre de } j + a_j \cdot \text{Madre de } j)$$

$$a_{ij} = a_{ji}$$

$$a_{ij} = 1 + F_i$$

$$F_i = \frac{1}{2} a (\text{Padre de } i \cdot \text{Madre de } i)$$

Los valores de los coeficientes de consanguinidad individual calculados de esta forma fueron confirmados a través de los resultados de la matriz de parentescos, obtenida a partir de la subrutina MTDFNRM del programa MTDFREML (Boldman y cols., 1995).

La consanguinidad individual ( $F_i$ ), representa la probabilidad de que dos alelos de un mismo *locus* sean iguales por ascendencia (Wright, 1922). Por su parte el grado de parentesco ( $a_{ij}$ ) entre dos individuos ( $i$  y  $j$ ) representa el doble de la probabilidad de que en un *locus* determinado, un alelo tomado aleatoriamente de un individuo  $i$  y un alelo tomado al azar del individuo  $j$ , sean iguales por ascendencia o, lo que es igual, sean copias de un mismo gen.

El incremento de consanguinidad por año ( $F/\text{año}$ ) fue obtenido mediante regresión del coeficiente de consanguinidad individual ( $F_i$ ) con el año de nacimiento, habiéndose utilizado para ello el procedimiento PROC GLM del paquete estadístico (SAS, 2001), siguiéndose el modelo lineal que a continuación se expone:

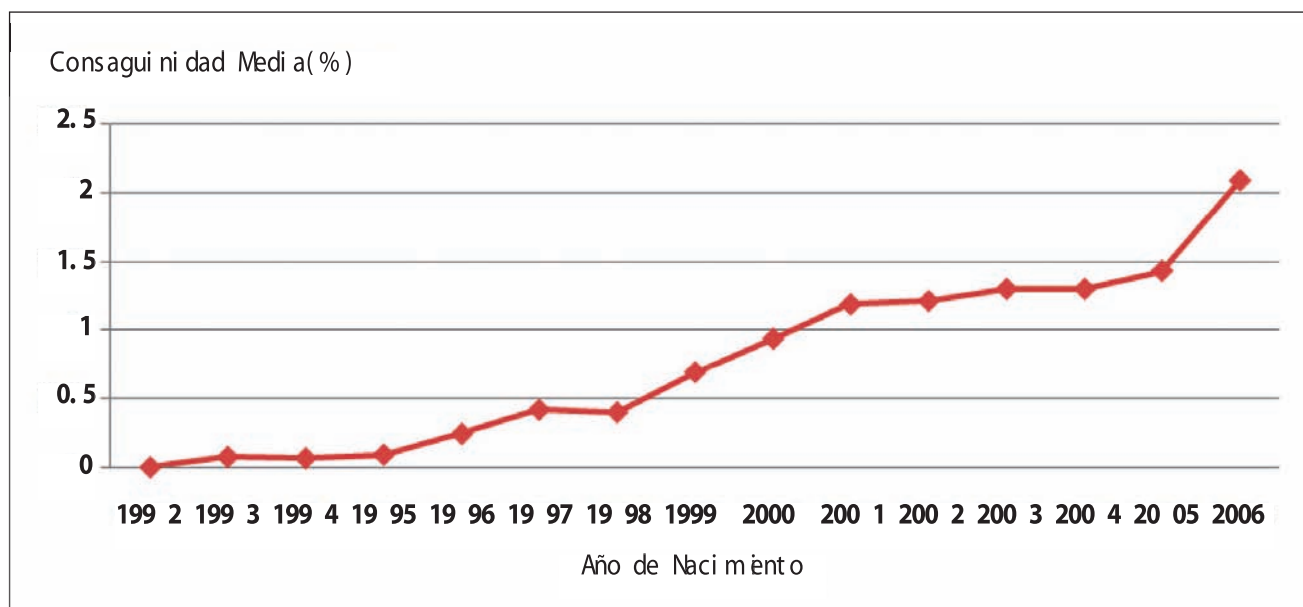
$$F_{ij} = b_0 + b_1 \text{ año}_i + e_{ij}$$

Donde  $F_{ij}$  representa la consanguinidad individual del individuo  $j$  nacido en el año  $i$ ,  $b_0$  es el intercepto,  $b_1$  es el coeficiente de regresión lineal de la consanguinidad individual en el año de nacimiento y  $e_{ij}$  el error asociado con la  $ij$  observación. A partir de  $\Delta F/\text{año}$ , se determinó el incremento de consanguinidad por generación ( $\Delta F/\text{generación}$ ), como ( $\Delta F/\text{año} \times L$ ), donde  $L$  representa el intervalo generacional medio (Wright, 1922; Stone, 1977). Así mismo se realizó un análisis de la evolución del número y porcentaje de individuos consanguíneos ( $F_i > 0$ ) y no consanguíneos ( $F_i = 0$ ) nacidos entre 1992 y 2006.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Cuando se observan los coeficientes de consanguinidad medios por año de nacimiento para el total de la población, se evidencia una tendencia a aumentar a lo largo de los últimos años (Figura 1).

Figura 1. Evolución de la consanguinidad por año de nacimiento.



Así entre los años 1992 y 1996 no se aprecian incrementos significativos en los niveles de consanguinidad ( $P < 0,05$ ). Es a partir del año 1997 cuando el incremento de la consanguinidad por año de nacimiento comienza a ser significativo, alcanzándose para este año niveles medios del 0,41%. Al llegar al año 2000, el incremento de los niveles de consanguinidad se hace progresivo hasta situarse en el 2,08% en el año 2006. Los incrementos medios consanguinidad por año de nacimiento entre 1992 y 2006 se situó en el 0,14%.

En la **Tabla 1** puede apreciarse un incremento paulatino en el número de animales consanguíneos, tanto en términos absolutos como en porcentaje, a lo largo de los años en estudio. A este respecto puede observarse como el mayor incremento porcentual tuvo lugar entre el año 2005 y 2006, con un aumento del 6,61% de individuos consanguíneos. A este respecto puede denotarse como en el año 2006 casi la cuarta parte de la población nacida es consanguínea.

**Tabla 1. Distribución del número (N) y porcentaje (%) de animales consanguíneos ( $F_i > 0$ ) y no consanguíneos ( $F_i = 0$ ) por año de nacimiento.**

Año	N $F_i > 0$	% $F_i > 0$	N $F_i = 0$	% $F_i = 0$
1992	3	0,27	1.099	99,73
1993	6	0,35	1.685	99,65
1994	7	0,28	2.488	99,72
1995	23	0,63	3.624	99,37
1996	63	1,95	3.176	98,05
1997	129	3,79	3.278	96,21
1998	184	3,83	4.614	96,17
1999	320	5,98	5.034	94,02
2000	587	8,84	6.054	91,16
2001	795	11,31	6.237	88,69
2002	931	12,01	6.818	87,99
2003	1.151	12,85	7.803	87,15
2004	1.233	13,87	7.655	86,13
2005	1.695	16,94	8.313	83,06
2006	1.367	23,55	4.436	76,44

El estudio de la variabilidad genética y la dinámica de una población resulta de gran importancia para el establecimiento de programas de conservación o de mejora genética por selección, de forma que permitan implementar una correcta gestión de la diversidad genética existente. Del mismo modo el conocimiento de la estructura y la demografía de una población permiten destacar algunos aspectos importantes que pueden afectar a la gestión de la propia población en cuanto a la elección de los métodos de selección y de apareamiento más adecuados se refiere.

En la actualidad son 33.877 los animales que forman la parte noble del Libro genealógico de la raza lo que supone un volumen suficiente para enfrentar un programa de selección con garantías. Situación a la que contribuyen los 1.178 sementales activos sobre todo teniendo en cuenta la disponibilidad de inseminación artificial.

En este sentido cuando nos encontramos frente a poblaciones animales con efectivos reducidos, a la hora de instaurar un programa de mejoramiento genético por selección, un programa de conservación, o un programa de selección con un incremento predefinido de la consanguinidad (Meuwissen y Sonesson, 1998), resulta de gran importancia el conocimiento de las genealogías de los animales candidatos a reproductores.

El incremento de la consanguinidad a lo largo de los años analizados, más acusada a partir del año 2000 (**Figura 1**), es debida, por un lado a la progresiva introducción de la técnica de inseminación artificial, que tiene como consecuencia la aparición de muchos descendientes a partir de un reducido grupo de sementales. Pero también esta situación está motivada por el incremento de la información genealógica que proporciona una estimación mucho más precisa del valor del coeficiente de parentesco. Es decir, cuanto mayor es el número de generaciones conocidas de un individuo, también es más probable que se encuentren ascendientes comunes por la vía paterna y materna (Carolino, 2006). A este respecto, Boichard y cols., (1997) indicaron que la estimación del coeficiente de consanguinidad individual está altamente influenciada por la calidad y la cantidad de la información genealógica disponible.

Finalmente, hay que tener en cuenta que, aunque el incremento de consanguinidad medio obtenido por año de nacimiento ha sido del 0,14% en el periodo analizado, los valores medios de endogamia podrían mantenerse en el tiempo ya que al tratarse de una raza que cuenta con un programa de selección mas o menos reciente, podría existir la incorporación de nuevas explotaciones al núcleo de selección de la raza, con la aportación de animales no emparentados a los del núcleo selectivo actual, por lo que nos encontraríamos ante una posibilidad de «refrescamiento genético» de la población. Asimismo, con carácter general, dentro de la gestión del libro genealógico, esta misma posibilidad estaría a nuestra disposición mediante la incorporación de los animales que se van inscribiendo en el registro auxiliar de la raza.

## REFERENCIAS

- Adán, S., M. Fernández, J.R. Justo, C.J. Rivero, D. Rois y J. Lama. 2007. *Análisis de la información genealógica en la raza ovina Ovella Galega*. Arch. Zootec., 56 (Sup. 1): 587-592.
- Barker, J.S.F., W.G. Hill, D. Bradley, M. Nei, R. Fries y R.K. Wayne. 1998. *Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Original Working Group Report*. FAO, Rome, Italy.
- Boichard, D., Maignel, L. y Verrier, E. 1997. *The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population*. Genet. Sel Evol., 29: 5-23.

- Boldman, K.G., Kriese, L.A., Van Vleck, L.D., Van Tassell, C.P. y Kachman, S.D. 1995. A Manual for Use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. USDA, ARS, Clay Center, NE, USA.
- Caballero, A. y M.A. Toro. 2000. *Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations*. Genetical Research Cambridge, 75:331-343.
- Carolino, R.N.P. 2006. *Estratégias de Seleção na Raça Bovina Alentejana*. Tesis Doctoral. Universidad Técnica de Lisboa. Faculta de Medicina Veterinaria, pp. 391.
- Gama, L.T. 2002. *Melhoramento Genético Animal*. Escolar Editora, Lisboa, Portugal.
- Gandini, G. C., L. Ollivier, B. Danell, O. Distl, A. Georgoudis, E. Groeneveld, E. Martyniuk, J. A. M. Van Arendonk y J. A. Woolliams. 2004. *Criteria to assess the degree of endangerment of livestock breeds in Europe*. Livest. Prod. Sci., 91:173-182.
- Götz, K. U. y G. Thaller. 1998. *Assignment of individuals to populations using microsatellites*. J. Anim. Breed. Genet., 115:53-62.
- Gutiérrez, J.P., J. Altarriba, C. Díaz, R. Quintanilla, J. Cañón y J. Piedrafita. 2003. *Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds*. Genet. Sel. Evol., 35:43-63.
- Khang, J.V.T. 1983. *Méthodes d'analyse des données démographiques et généalogiques dans les populations d'animaux domestiques*. Genet. Sel. Evol., 15 :263-298.
- MacHugh, D. E., R. T. Loftus, P. Cunningham y D. G. Bradley. 1998. *Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellites markers*. Anim. Genet., 29:333-340.
- Martínez, A. M., Vega-Plá, J. L., Lozano, J. M., Martínez, E., Carrera, M.P., Acosta, J.M., Cabello, A. 2003. *Caracterización genética de la cabra Murciano-Granadina con microsatélites*. Libro de Resúmenes del VI Congreso Iberoamericano de Razas Criollas y Autóctonas, p. 175. Recife. Brasil.
- Matos, C.A.P. y Bettencourt, C.M.V. 1995. *Preservação da variabilidade genética em pequenas populações de animais domésticos*. Rev. Port. Zoot., Ano II, Nº 1:49-58.
- Meuwissen, T.H.E. y Sonesson, A.K. 1998. *Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: Overlapping generations*. J. Anim. Sci., 76 : 2575-2583.
- Oldenbroek, J.K. 1999. *Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources*. In: Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources (Ed. J. K. Oldenbroek): 1-9. DLO Institute for Animal Science and Health, The Netherlands.
- Rochambeau, H., Fournet-Hanocq, F. y J.V.T. Khang. 2000. *Measuring and managing genetic variability in small populations*. Ann. Zootech., 49:77-93.
- SAS. 2001. SAS® 8.2. Copyright (c) 1999-2001 by SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.
- Shriver, M. D., M. W. Smith, L. Jin, A. Marcini, J. M. Akey, R. Deka y R. E. Ferrell. 1997. *Ethnic-Affiliation Estimation by use of population-specific DNA markers*. American Journal of Human Genetics, 60:957-964.
- UNEP (United Nation Environment Program). 1992. *Rio Declaration World conference on Environment and Development Unite Nation Environment Program, Brazil*. United Nation Environment Program. United Nations publication, Sales No. E.73.II.A.14 and corrigendum.
- Wright S., 1922. *Coefficients of inbreeding and relationship*. Amer Nat (56):330-338.

## **Asociación Nacional de Criadores de Caprino de Raza Murciano-Granadina**



**Caserío de San Pedro, s/n  
18220 Albolote (Granada)  
Tel. y Fax: 958 467 558  
E-mail: caprigran@teleline.es**