

Programa Doctorado 'Recursos Naturales y Gestión Sostenible'

Evaluación de las estructuras de protección y conservación integral de razas
caninas en las Islas Baleares

Evaluation of protection structures and comprehensive conservation of
endangered canine breeds in the Balearic Islands

José Manuel Alanzor Puente

Directores

Francisco Javier Navas González, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo



TITULO: *Evaluación de las Estructuras de Protección y Conservación Integral de Razas Caninas en Peligro en las Islas Baleares*

AUTOR: *José Manuel Alanzor Puente*

© Edita: UCOPress. 2024
Campus de Rabanales
Ctra. Nacional IV, Km. 396 A
14071 Córdoba

<https://www.uco.es/ucopress/index.php/es/>
ucopress@uco.es



FACULTAD DE VETERINARIA

DEPARTAMENTO DE GENÉTICA

PROGRAMA DE DOCTORADO EN RECURSOS NATURALES Y GESTIÓN
SOSTENIBLE

“Evaluación de las Estructuras de Protección y Conservación Integral de Razas
Caninas en Peligro en las Islas Baleares”

“Evaluation of protection structures and comprehensive conservation of
endangered canine breeds in the Balearic Islands”

Memoria para optar al grado de doctorado presentado por

Jose Manuel Alanzor Puente

DIRECTORES

Juan Vicente Delgado Bermejo

Francisco Javier Navas González

Águeda Laura Pons Barro

CÓRDOBA FEBRERO 2024



TÍTULO DE LA TESIS:

“Evaluación de las Estructuras de Protección y Conservación Integral de Razas Caninas en Peligro en Las Islas Baleares”

DOCTORANDO/A:

José Manuel Alanzor Puente

INFORME RAZONADO DEL/DE LOS DIRECTOR/ES DE LA TESIS

(se hará mención a la evolución y desarrollo de la tesis, así como a trabajos y publicaciones derivados de la misma).

El presente informe tiene como finalidad evaluar la trayectoria del doctorando José Manuel Alanzor Puente durante la ejecución de su tesis, con especial énfasis en sus logros en congresos internacionales y publicaciones en revistas de prestigio.

José Manuel Alanzor Puente ha destacado en el ámbito internacional al presentar tres comunicaciones orales y dos posters en congresos internacionales. Su participación activa y la calidad de sus contribuciones demuestran una habilidad destacada para comunicar y compartir su investigación de manera efectiva.

El doctorando ha orientado sus esfuerzos hacia revistas indexadas en Scopus y SJR, evidenciando su compromiso con la calidad y la relevancia científica. Con cinco artículos sometidos y seis ya publicados o remitidos a revistas de alto impacto en el JCR (D1 y Q1), ha alcanzado estándares excepcionales en la generación de conocimiento.

Considerando la destacada trayectoria del doctorando José Manuel Alanzor Puente, caracterizada por su participación activa en congresos internacionales y su exitosa publicación en revistas de alto impacto, se recomienda aprobar la defensa de su tesis. Su dedicación y contribuciones demuestran no solo la calidad de su investigación, sino también su potencial para enriquecer significativamente el campo de estudio.

Por los anteriores motivos y la sobresaliente trayectoria desarrollada durante la consecución de la tesis, se aprueba la presentación y defensa de la tesis doctoral de José Manuel Alanzor Puente. Se espera que este logro sea solo el inicio de una carrera académica y científica prometedora y fructífera.

Córdoba, 31 de enero de 2024

Firma del/de los director/es

Fdo. Juan Vicente Delgado Bermejo

Fdo.: Francisco Javier Navas González

Fdo. Águeda Laura Pons Barro

Agradecimientos

Expreso mi profunda gratitud y sincero aprecio a todas las personas e instituciones que han contribuido de manera significativa a mi trayectoria y a la culminación de esta importante investigación.

En primer lugar, agradezco de todo corazón a mis respetados directores de tesis, cuya dedicación inquebrantable, orientación experta y agudas ideas académicas han sido fundamentales para dar forma y conducir este trabajo de investigación. Su mentoría paciente y compromiso constante han elevado no solo mi agudeza académica, sino también el estándar de rigor intelectual que aspiré a alcanzar. En especial, quiero destacar el papel fundamental de Javi, cuya contribución ha sido determinante para llevar este proyecto a su conclusión.

Agradezco también a la Facultad de Veterinaria de Córdoba y, en particular, al Departamento de Genética Animal, por su respaldo y contribución esenciales a esta investigación. La colaboración con su distinguido departamento ha enriquecido significativamente mi perspectiva académica.

Extendiendo mi reconocimiento a las valiosas asociaciones y clubs de perros que han enriquecido este camino académico, deseo expresar mi profundo agradecimiento al Club de Ca de Bestiar, el Club Español del Ca Rater Mallorquí, el Club Espanyol del Ca de Bou y el Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya. Igualmente, a la Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca y la Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, les agradezco sinceramente por su apoyo y contribución. Sus datos esenciales han sido fundamentales para el desarrollo de este estudio, y valoro enormemente su compromiso y dedicación en la preservación y promoción de las razas caninas en las Islas Baleares. Su colaboración ha sido esencial para enriquecer la investigación y contribuir al fomento de un entorno intelectualmente estimulante.

A mi amada familia, mi esposa y tres hijos, les expreso mi más sincero agradecimiento por su apoyo incondicional, paciencia duradera y comprensión durante esta exigente travesía

académica. Su colaboración y amor han sido la base emocional esencial que me ha impulsado a alcanzar mis metas.

Adicionalmente, agradezco a mi jefa y además directora de tesis, Águeda Laura Pons Barro, por su respaldo constante para la ejecución de esta investigación. Su apoyo ha sido crucial para el éxito de este proyecto.

En conclusión, cada agradecimiento se convierte en una expresión de gratitud genuina hacia aquellos que han sido pilares fundamentales en mi camino académico y profesional. Su contribución ha sido esencial para alcanzar este hito, y estoy profundamente agradecido por el honor de contar con su apoyo.

Con gratitud

Jose Manuel Alanzor Puente

ÍNDICE GENERAL

	<i><u>Página</u></i>
<i>Prólogo</i>	1
<i>Resumen</i>	5
<i>Resum</i>	11
<i>Summary</i>	17
<i>Introducción</i>	25
<i>Introduction</i>	37
<i>Objetivos</i>	53
<i>Objectives</i>	57
<i>Capítulo 1</i>	61
<i>Capítulo 2</i>	103
<i>Capítulo 3</i>	143
<i>Capítulo 4</i>	197
<i>Capítulo 5</i>	253
<i>Capítulo 6</i>	325
<i>Conclusiones</i>	339
<i>Comentarios finales y perspectivas de futuro</i>	347
<i>Otros resultados derivados de la tesis</i>	353
<i>Bibliografía</i>	357
<i>Anexo I Articles</i>	369

PRÓLOGO

Prólogo

La presente investigación se centra en la evaluación del estado de conservación y las estructuras de protección de las razas caninas autóctonas en peligro de extinción en las Islas Baleares, considerando un eje fundamental el aislamiento territorial insular. Esta tesis aborda el análisis detallado de la dinámica temporal de las razas caninas, abordando aspectos como sus censos, los registros genealógicos, las interacciones entre la raza y sus criadores y propietarios, el estándar racial, así como el estudio de la diversidad genética mediante herramientas moleculares y de pedigrí. Además, se exploran los riesgos asociados a la transición de los perros desde sus roles históricos como perros de trabajo hacia su papel como animal de compañía.

Las Islas Baleares son un patrimonio racial canino en España, distinguiéndose por contar con cinco razas oficialmente reconocidas y una agrupación racial. Cada una de estas razas, ya sea el Ca de Bestiar, el Ca Rater Mallorquí, el Ca de Bou, el Ca Mè Mallorquí o el Podenco Ibicenco, así como el Ca de Conills de Menorca, contribuye de manera única a la herencia canina de España. La preservación y promoción de estas razas son esenciales para conservar el legado genético y cultural que han representado a lo largo de los siglos, subrayando la importancia de las Islas Baleares como un tesoro de diversidad canina en el contexto español.

En las Islas Baleares, el uso tradicional del perro ha estado intrínsecamente ligado al día a día de las poblaciones locales, desempeñando roles esenciales que han perdurado a lo largo de generaciones. La caza, por ejemplo, ha sido una actividad en la que las razas caninas baleares han demostrado su valía, brindando habilidades específicas para la búsqueda, captura y recuperación de presas. Asimismo, el pastoreo ha sido una función clave, donde la inteligencia y la destreza de estas razas han facilitado el manejo del ganado en el terreno insular. La labor de guarda, por otro lado, ha sido crucial para proteger propiedades, destacando la lealtad y la naturaleza protectora de estas razas en su interacción con el hombre. La brega o peleas de perros, fue una tradición arraigada en la cultura balear, a lo largo de la

historia, algunos perros han sido entrenados y utilizados en peleas, exhibiciones o competiciones, buscando demostrar su valentía y resistencia

Se presta especial atención al papel crucial desempeñado por las asociaciones de criadores y propietarios de perros en la salvaguarda del patrimonio genético de las razas caninas de baleares en peligro de extinción. Estas asociaciones desempeñan un papel fundamental en la conservación y promoción de estas razas, actuando como guardianes de su herencia genética.

La investigación también aborda los desafíos que se han enfrentado las razas caninas autóctonas en peligro de extinción en las Islas Baleares, incluyendo el reconocimiento histórico y oficial de las estructuras de protección. Se examina cómo estos procesos a veces pueden actuar como barreras para los esfuerzos de conservación, destacando la necesidad de un reconocimiento adecuado y un apoyo institucional para garantizar la supervivencia de estas razas. Además, es crucial destacar que en las conclusiones de este apartado pueden servir de ejemplo valioso no solo para la agrupación racial del Ca de Conills sino también para otras razas caninas que aún no cuentan con reconocimiento oficial.

Asimismo, se presenta un análisis detallado de la genética canina balear, explorando el perfil racial de cada una de ellas en el archipiélago y las posibles relaciones entre ellas. La caracterización molecular, las pruebas de parentesco y la evaluación de los rasgos funcionales son aspectos esenciales para comprender la singularidad genética de estas razas en peligro.

La investigación destaca la importancia crítica de desarrollar estándares de raza específicos para estas razas caninas autóctonas. Establecer criterios claros y reconocidos para la apariencia, comportamiento y características funcionales contribuirá a su preservación a largo plazo y fomentará prácticas de cría responsables.

En resumen, este estudio aborda integralmente la situación de las razas caninas autóctonas en peligro de extinción en las Islas Baleares, explorando su diversidad genética, desafíos de conservación, roles de las asociaciones, y la importancia de estándares de raza para garantizar su supervivencia y legado genético único.

RESUMEN/RESUM/SUMMARY

Resumen

En las Islas Baleares, se reconocen oficialmente cinco razas caninas: el Ca de Bestiar (CB), el Ca de Bou (CBOU), el Podenco Ibicenco (PI), el Ca Rater mallorquín (CR), y el Ca Mè (CM), junto con una agrupación racial, el Ca de Conills de Menorca (CC). Las Islas Baleares albergan el mayor repositorio de diversidad genética canina en España, representando aproximadamente el 20% del patrimonio del país.

Las Islas Baleares, con sus variados ecosistemas y su patrimonio cultural, constituyen un telón de fondo único para el estudio de las razas caninas autóctonas. Esta investigación pretende desentrañar las historias que iluminan el pasado, arrojan luz sobre el presente y orientan el futuro de estas poblaciones caninas.

Las poblaciones caninas autóctonas de las Islas Baleares han sido meticulosamente moldeadas a lo largo de los siglos, seleccionadas con esmero para desempeñar funciones específicas arraigadas en sus respectivos entornos. Sin embargo, factores como la modernización, la urbanización y los cambios en las preferencias sociales han emergido como amenazas latentes, poniendo en riesgo la continuidad de estas razas y amenazando la erosión de su valioso patrimonio cultural, su utilidad funcional y su diversidad genética. Los persistentes cruces con razas extranjeras han venido siendo y continúan siendo un riesgo significativo para la pureza genética de estas razas caninas.

Para afrontar con eficacia los desafíos que enfrentan las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares, es imperativo realizar un análisis detallado de las diversas estructuras de protección que respaldan estas poblaciones, así como de sus interacciones con los homólogos humanos. Este análisis debe abordar la evolución cronológica de las razas caninas autóctonas, la diversidad genética que caracteriza a estas razas, al tiempo que se comprende la vulnerabilidad intrínseca de las razas caninas autóctonas a la pérdida de funcionalidad.

La presente tesis doctoral, que se centra en las poblaciones caninas de las Islas Baleares representa una investigación exhaustiva que se sumerge profundamente en la preservación y

sostenibilidad de las razas caninas autóctonas en esta región geográfica específica. A través de esta investigación integral, se busca no solo entender la historia evolutiva de estas razas, sino también proponer medidas y estrategias efectivas para su conservación y protección a largo plazo. Se espera arrojar luz sobre la complejidad de los factores que influyen en la preservación de estas razas autóctonas.

Para examinar la dinámica temporal y la evolución censal de las razas caninas en peligro de extinción en las Islas Baleares, se propone validar la utilidad del Análisis Canónico Discriminante (CDA) y los árboles de decisión CHAID, con especial énfasis en las asociaciones de criadores. El CDA, al identificar problemas de multicolinealidad, asegura análisis fiables mediante la exclusión sistemática de variables con posibles problemas de colinealidad. Se destaca la eficacia del modelo al capturar aproximadamente el 100% de la variabilidad, lo que indica su capacidad para distinguir entre razas. El número total de animales presentes en los registros de los libros genealógicos emerge como factor clave en los patrones de discriminación. El reconocimiento rápido de asociaciones acelera los esfuerzos de preservación, enfatizando la importancia de medidas proactivas. La presente tesis resalta la relevancia de mantener usos tradicionales, especialmente la caza, para la preservación de las razas. Aquellas dedicadas a funciones de pastoreo o guarda muestran una mayor susceptibilidad al declive, justificando la necesidad de enfoques de conservación específicos. El censo de las razas caninas de baleares, especialmente centrado en las hembras del registro fundacional, se revela crucial para su conservación a largo plazo. En el análisis de las dinámicas temporales que proporciona perspectivas valiosas sobre la preservación de las razas, se denotan correlaciones entre variables, destaca la importancia del reconocimiento temprano con fuertes correlaciones negativas en etapas posteriores. Las asociaciones juegan un papel central, mostrando correlaciones positivas en sus dinámicas temporales. Se identifican conexiones entre el desarrollo de las asociaciones y los logros de reconocimientos oficiales autonómicos y nacionales, proporcionando perspectivas valiosas sobre la preservación de las razas.

En referencia a las complejas relaciones entre las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares y sus homólogos humanos, concretamente criadores y propietarios, utilizando el análisis de correlación canónica, se identifican correlaciones significativas positivas y negativas

dentro de los diferentes registros de los libros genealógicos, que sugiere cambios en la dinámica de la documentación de la raza y una mayor concienciación del pedigrí a través de las generaciones, además de correlaciones entre los criadores/propietarios y varios registros iniciales, donde los criadores influyen positivamente, lo que subraya su papel crucial en las primeras etapas de la raza. Se observan preferencias de género en las inscripciones, con un sesgo histórico hacia las inscripciones de hembras durante las etapas fundacionales que se desplaza gradualmente a favor de los machos en los registros definitivos. En conclusión, la investigación subraya los roles interconectados de los criadores, los propietarios y los registros integrales en la preservación de la diversidad genética entre las razas de perros de baleares, enfatizando la necesidad de esfuerzos continuos para abordar las brechas en los datos genealógicos para una comprensión más precisa de la dinámica de la raza. Así mismo, utilizando correlaciones del Producto-Momento de Pearson y ajustándose al marco legal del Real Decreto 558/2001, esta tesis revela patrones positivos y negativos entre los registros del libro genealógico. Destaca la vital importancia de una sólida base fundacional, especialmente en hembras, para la consolidación efectiva de la raza. Además, las correlaciones negativas con registros auxiliares sugieren un papel disminuido cuando la base fundacional es fuerte. Se identifican relaciones robustas entre géneros y fuertes correlaciones con censos totales, indicando enfoques sistemáticos de registro. Sorprendentemente, las hembras en el Registro Auxiliar de Nacimientos carecen de correlaciones. En conclusión, este análisis proporciona información valiosa sobre la dinámica del registro genealógico, destacando la importancia de una base fundacional sólida, especialmente en relación con los censos de hembras, para la evolución exitosa de poblaciones caninas en peligro hacia razas estandarizadas. Los hallazgos orientan la gestión de registros genealógicos y justifican exploraciones adicionales en categorías específicas, con la advertencia de que, mientras la correlación identifica asociaciones, discernir la causalidad requiere interpretación matizada y conocimientos del dominio.

En referencia al estándar racial se emplea CHAID y análisis generalizados de Procrustes para identificar variables clave de razas caninas autóctonas de las Islas Baleares. Factores como clasificación funcional, configuración de orejas, prominencia de cruz, longitud

de brazo, relación altura cruz/grupa, forma de abdomen y proporcionalidad corporal son destacados. Se resalta la naturaleza dinámica de los estándares de raza y la necesidad de investigación continua para descripciones precisas. La falta de variables específicas en los estándares puede afectar la comprensión de las características raciales. Se enfatiza el papel del estado de reconocimiento y la funcionalidad en la diferenciación de razas, recomendando precaución al modificar estándares y destacando la necesidad de validez respaldada por evidencia. Se discute sobre los diversos niveles de reconocimiento de razas autóctonas de las Baleares y su camino hacia el reconocimiento global, mostrando las complejidades involucradas. Para evaluar las relaciones entre variables zoométricas, fanerópticas y de comportamiento se emplean correlaciones de Spearman y los residuos de Procrustes. Las correlaciones de Spearman cuantifican asociaciones entre rasgos, orientando la priorización de elementos para estándares de raza sólidos. Los residuos de Procrustes añaden una dimensión geométrica, revelando desviaciones morfológicas sutiles. La integración de análisis estadísticos y geométricos cambia el paradigma en la selección de estándares de raza, capacitando a los interesados para abordar la complejidad de las variables. La evaluación sistemática de rasgos físicos y temperamentales asegura una comprensión holística, identificando elementos obligatorios y revelando combinaciones que señalan la falta de rasgos distintivos. Los hallazgos ofrecen valiosas perspectivas para criadores, entusiastas y jueces, guiándolos hacia estándares reconocidos y preservando las cualidades distintivas de la raza.

Con respecto al análisis de la diversidad genética en las razas caninas de Baleares, centrándose en marcadores de microsatélites clave y sus relaciones intrincadas. Se evalúan conflictos entre parámetros como el contenido de información polimórfica y la heterocigosidad esperada, La convergencia de marcadores como la heterocigosidad observada y la heterocigosidad esperada proporciona información sobre la dinámica poblacional. El número efectivo de alelos y heterocigosidad esperada revelan la adaptabilidad y persistencia de la población. La relación entre el Coeficiente de Consanguinidad y desviaciones del Equilibrio de Hardy-Weinberg aclara el impacto de la endogamia en la heterocigosidad, con implicaciones para estrategias de conservación basadas en marcadores. Estos hallazgos informan estrategias de conservación y mejoran la toma de decisiones en programas genéticos

y evaluaciones, contribuyendo a la preservación de razas de perros. También se realiza una prueba unidimensional de igualdad de medidas mediante el análisis detallado de paneles de marcadores microsatélites, donde estos marcadores se utilizan para desentrañar las complejidades genéticas, proporcionando firmas moleculares únicas para cada raza. La investigación evalúa la eficacia de estos marcadores en la identificación de razas distintas, ofreciendo información sobre diversidad genética, informatividad y desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg. Los resultados revelan marcadores específicos que indican homogeneidad dentro de las razas, mientras que otros reflejan variabilidad, especialmente en razas con menor diversidad genética. Se destaca la importancia de seleccionar cuidadosamente los marcadores para un panel integral, considerando las sutilezas de la diversidad genética en diferentes razas. Estos hallazgos aportan información valiosa para la gestión, conservación y programas de selección de razas.

La investigación sobre la diversidad genética de las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares se llevó a cabo mediante herramientas moleculares y de pedigrí. Esta sinergia permitió evaluar la diversidad genética, superando desafíos asociados a poblaciones amenazadas de pequeño tamaño y a la disponibilidad limitada de datos genealógicos. El análisis molecular identifica loci polimórficos en las poblaciones del estudio, con mayor polimorfismo en proteínas estructurales plasmáticas. Las probabilidades de exclusión de paternidad varían entre loci y razas. En el análisis del pedigrí se rastrearon registros genealógicos históricos hasta los fundadores, determinando el número de fundadores, generaciones máximas y promedio histórico de generaciones completas. Se revelan valores del coeficiente de consanguinidad e integridad del pedigrí diferentes entre las poblaciones de los estudios, destacando al CM con mayor integridad de pedigrí y menor coeficiente de consanguinidad. Se discute la vinculación de las tendencias de nacimiento con el reconocimiento de la raza, sugiriendo influencias de la funcionalidad de la raza en la precisión de los datos genealógicos. Esta tesis destaca la importancia de consideraciones específicas de razas en evaluaciones de diversidad genética, revelando diferencias y patrones evolutivos, además de similitudes en el trasfondo genético entre subpoblaciones, sugiriendo un proceso evolutivo similar. Sin embargo, la funcionalidad de las razas y sus actividades específicas

mostraron diferencias significativas en parámetros de diversidad genética, indicando que la función de las razas puede influir en la evolución de la diversidad genética, incluso en condiciones de aislamiento geográfico compartido.

En último lugar, esta tesis que examina la transición de razas autóctonas de perros desde sus roles históricos como perros de trabajo a ser animales de compañía, centrándose en los riesgos asociados con esta evolución. Se observa una significativa disparidad de riesgos entre razas utilizadas históricamente para caza/rateo y aquellas dedicadas a roles de guarda/pastoreo. El riesgo en razas de caza/rateo es 1.5 veces mayor, señalando desafíos sustanciales en su adaptación a la vida doméstica. Utilizando metodologías cuantitativas y análisis estadísticos, la investigación proporciona evidencia empírica con valores de Cramér's V de 0.25 y cálculos de la razón de posibilidades, cuantificando el riesgo en elevado. Estos resultados numéricos ofrecen una comprensión detallada de las dinámicas que influyen en el cambio de roles, con implicaciones para el patrimonio cultural, percepciones sociales y conservación genética de razas autóctonas de perros.

En su conjunto, los resultados obtenidos en esta tesis doctoral contribuirán al impulso y enriquecimiento de estrategias eficaces para la conservación sostenible de un recurso genético en peligro de extinción en España. Más allá de la protección de la biodiversidad animal, esto implica también la preservación del valioso patrimonio histórico sociocultural de las Islas Baleares. Desde la perspectiva de la investigación, las metodologías implementadas, optimizadas y validadas en este trabajo son extrapolables a otras poblaciones, representando así una innovación significativa en el limitado conjunto de procedimientos metodológicos disponibles para la caracterización de la biodiversidad global de la especie canina. En este sentido, la investigación, al ofrecer diversas perspectivas, se convierte en una valiosa guía para criadores, asociaciones y responsables políticos al proporcionar estrategias efectivas de conservación. Esto contribuye no solo a preservar la biodiversidad de las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares, sino también a salvaguardar el rico patrimonio cultural asociado a estas razas.

Avaluació de les estructures de protecció i conservació integral de races canines a les Illes Balears

Resum

A les Illes Balears, es reconeixen oficialment cinc races canines: el Ca de Bestiar (CB), el Ca de Bou (CBOU), el Podenc Eivissenc (PI), el Ca Rater Mallorquí (CR), i el Ca Mè (CM), junt amb una agrupació racial, el Ca de Conills de Menorca (CC). Les Illes Balears alberguen el major repositori de diversitat genètica canina a Espanya, representant aproximadament el 20% del patrimoni del país.

Les Illes Balears, amb els seus variats ecosistemes i el seu patrimoni cultural, constitueixen un teló de fons únic per a l'estudi de les races canines autòctones. Aquesta investigació pretén desentranyar les històries que il·luminen el passat, llançant llum sobre el present i orientant el futur d'aquestes poblacions canines.

Les poblacions canines autòctones de les Illes Balears han estat meticulosament emmotllables al llarg dels segles, seleccionades amb cura per desenvolupar funcions específiques arraigades en els seus respectius entorns. No obstant això, factors com a la modernització, la urbanització i els canvis en les preferències socials han emergit com a amenaces latents, posant en risc la continuïtat d'aquestes races i amenaçant l'erosió del seu valuós patrimoni cultural, la seva utilitat funcional i la seva diversitat genètica. Els persistents encreuaments amb races estrangeres han estat i continuen sent un risc significatiu per a la puresa genètica d'aquestes races canines.

Per a afrontar amb eficàcia els desafiaments que enfronten les races canines autòctones de les Illes Balears, és imperatiu realitzar una anàlisi detallada de les diverses estructures de protecció que recolzin aquestes poblacions, així com de les seves interaccions amb els homòlegs humans. Aquesta anàlisi ha d'abordar l'evolució cronològica de les races canines

autòctones, la diversitat genètica que caracteritza a aquestes races, al temps que es compren la vulnerabilitat intrínseca de les races canines autòctones a la pèrdua de funcionalitat.

La present tesi doctoral, que es centra en les poblacions canines de les Illes Balears representa una investigació exhaustiva que es submergeix profundament en la preservació i sostenibilitat de les races canines autòctones en aquesta regió geogràfica específica. A través d'aquesta investigació integral, es cerca no només entendre la història evolutiva d'aquestes races, sinó també proposar mesures i estratègies efectives per a la seva conservació i protecció a llarg termini. S'espera llançar llum sobre la complexitat dels factors que influeixen en la preservació d'aquestes races autòctones.

Per a examinar la dinàmica temporal i l'evolució censal de les races canines en perill d'extinció a les Illes Balears, es proposa validar la utilitat de l'Anàlisi Canònica Discriminant (CDA) i els arbres de decisió CHAID, amb especial èmfasi en les associacions de criadors. El CDA, en identificar problemes de multicol·linealitat, assegura anàlisis fiables mitjançant l'exclusió sistemàtica de variables amb possibles problemes de col·linealitat. Es destaca l'eficàcia del model en capturar aproximadament el 100% de la variabilitat, el que indica la seva capacitat per distingir entre races. El número total d'animals presents en els registres de les llibres genealògics emergeix com a factor clau en els patrons de discriminació. El reconeixement ràpid d'associacions accelera els esforços de preservació, emfatitzant la importància de mesures proactives. La present tesi ressalta la rellevància de mantenir usos tradicionals, especialment la caça, per a la preservació de les races. Aquelles dedicades a funcions de pasturatge o guarda mostren una major susceptibilitat al declivi, justificant la necessitat d'enfocaments de conservació específics. El cens de les races canines de Balears, especialment centrat en les femelles del registre fundacional, es revela crucial per a la seva conservació a llarg termini. En l'anàlisi de les dinàmiques temporals que proporciona perspectives valuoses sobre la preservació de les races, es denoten correlacions entre variables, destaca la importància del reconeixement primerenc amb fortes correlacions negatives en etapes posteriors. Les associacions juguen un paper central, mostrant correlacions positives en les seves dinàmiques temporals. S'identifiquen connexions entre el desenvolupament de

les associacions i els assoliments de reconeixements oficials autonòmics i nacionals, proporcionant perspectives valuoses sobre la preservació de les races.

En referència a les complexes relacions entre les races canines autòctones de les Illes Balears i els seus homòlegs humans, concretament criadors i propietaris, utilitzant l'anàlisi de correlació canònica, s'identifiquen correlacions significatives positives i negatives dedins els diferents registres dels llibres genealògics, que suggereix canvis en la dinàmica de la documentació de la raça i una major conscienciació del pedigrí a través de les generacions, a demés de correlacions entre criadors/propietaris i diversos registres inicials, a on els criadors influeixen positivament, el que subratlla el seu paper crucial en les primeres etapes de la raça. S'observen preferències de gènere en les inscripcions, amb un biaix històric cap a les inscripcions de femelles durant les etapes fundacionals que es desplaça gradualment a favor dels mascles en els registres definitius. En conclusió, la investigació subratlla els rols interconnectats dels criadors, els propietaris i els registres integrals en la preservació de la diversitat genètica entre les races de cans de Balears, emfatitzant la necessitat d'esforços continus per a abordar les bretxes en les dades genealògiques per a una comprensió més precisa de la dinàmica de la raça. Així mateix, utilitzant correlacions del Producte Moment de Pearson i ajustant-se al marc legal del Reial decret 558/2001, aquesta tesi revela patrons positius i negatius entre els registres del llibre genealògic. Destaca la vital importància d'una sòlida base fundacional, especialment en femelles, per a la consolidació efectiva de la raça. A més a més, les correlacions negatives amb registres auxiliars suggereixen un paper disminuït quan la base fundacional és forta. S'identifiquen relacions robustes entre gèneres i fortes correlacions amb censos totals, indicant enfocaments sistemàtics de registre. Sorprenentment, les femelles en el Registre Auxiliar de Naixements manquen de correlacions. En conclusió, aquest anàlisi proporciona informació valuosa sobre la dinàmica del registre genealògic, destacant la importància d'una base fundacional sòlida, especialment en relació amb els censos de femelles, per a l'evolució exitosa de poblacions canines en perill cap a races estandarditzades. Les troballes orienten la gestió de registres genealògics i justifiquen exploracions addicionals en categories específiques, amb l'advertència de què, mentre la correlació identifica

associacions, discernir la causalitat requereix interpretació matisada i coneixements dels dominis.

En referència a l'estàndard racial s'empra CHAID i anàlisi generalitzat de Procrustes per a identificar variables clau de races canines autòctones de les Illes Balears. Factors com a classificació funcional, configuració d'orelles, prominència de creu, longitud de braç, relació altura creu/gropa, forma d'abdomen i proporcionalitat corporal són destacats. Es ressalta la naturalesa dinàmica dels estàndards de raça i la necessitat d'investigació continua per a descripcions precises. La falta de variables específiques en els estàndards pot afectar la comprensió de les característiques racials. S'emfatitza el paper de l'estat de reconeixement i la funcionalitat en la diferenciació de races, recomanant precaució al modificar estàndards i destacant la necessitat de validés recolzada per evidència. Es discuteix sobre els diversos nivells de reconeixement de races autòctones de les Balears i el seu camí cap al reconeixement global, mostrant les complexitats involucrades. Per avaluar les relacions entre variables zoomètriques, faneròptiques i de comportament s'empren correlacions de Spearman i els residus de Procrustes. Les correlacions de Spearman quantifiquen associacions entre trets, orientant la prioritització d'elements per a estàndards de raça sòlids. Els registres de Procrustes afegeixen una dimensió geomètrica, revelant desviacions morfològiques subtils. La integració d'anàlisi estadístics i geomètrics canvia el paradigma en la selecció d'estàndards de raça, capacitant als interessats per abordar la complexitat de les variables. L'avaluació sistemàtica de trets físics i temperamentals assegura una comprensió holística, identificant elements obligatoris i revelant combinacions que assenyalen la falta de trets distintius. Les troballes ofereixen valuoses perspectives per a criadors, entusiastes i jutges, guiant-los cap a estàndards reconeguts i preservant les qualitats distintives de la raça.

Amb respecte a l'anàlisi de la diversitat genètica en les races canines de Balears, centrant-se en marcadors de microsatèl·lits clau i les seves relacions intrincades. S'avaluen conflictes entre paràmetres com el contingut d'informació polimòrfica i la heterocigositat esperada. La convergència de marcadors com la heterocigositat observada i la heterocigositat esperada proporciona informació sobre la dinàmica poblacional. El número efectiu d'al·lels i heterocigositat esperada revelen l'adaptabilitat i persistència de la població. La relació entre el

Coeficient de Consanguinitat i desviacions de l'Equilibri de Hardy-Weinberg aclareix l'impacte de l'endogàmia en la heterocigositat, amb implicacions per a estratègies de conservació basades en marcadors. Aquestes troballes informen estratègies de conservació i milloren la presa de decisions en programes genètics i avaluacions, contribuint a la preservació de races de cans. També es realitza una prova unidimensional d'igualtat de mesures mitjançant l'anàlisi detallat de panels de marcadors microsatèl·lits, a on aquests marcadors s'utilitzen per a desentranyar les complexitats genètiques, proporcionant firmes moleculars úniques per a cada raça. La investigació avalua l'eficàcia d'aquests marcadors en la identificació de races distintes, oferint informació sobre diversitat genètica, informativitat i desviacions de l'equilibri de Hardy-Weinberg. Els resultats revelen marcadors específics que indica homogeneïtat dins de les races, mentre que els altres reflecteixen variabilitat, especialment en races amb menor diversitat genètica. Es destaca la importància de seleccionar acuradament els marcadors per a un panel integral considerant les subtileses de la diversitat genètica en diferents races. Aquestes troballes aporten informació valuosa per a la gestió, conservació i programes de selecció de races.

La investigació sobre la diversitat genètica de les races canines autòctones de les Illes Balears es va dur a terme mitjançant eines moleculars i de pedigrí. Aquesta sinergia va permetre avaluar la diversitat genètica, superant desafiaments associats a poblacions amenaçades de petita grandària i a la disponibilitat limitada de dades genealògiques. L'anàlisi molecular identifica loci polimòrfics en les poblacions de l'estudi, amb major polimorfisme en proteïnes estructurals plasmàtiques. Les probabilitats d'exclusió de paternitat varien entre loci i races a l'anàlisi del pedigrí es rastrejaren registres genealògics històrics fins als fundadors, determinant el nombre de fundadors, generacions màximes i mitjana històrica de generacions completes. Es revelen valors del coeficient de consanguinitat e integritat del pedigrí diferents entre les poblacions dels estudis, destaquen al CM amb major integritat de pedigrí i menor coeficient de consanguinitat. Es discuteix la vinculació de les tendències de naixement amb el reconeixement de la raça, suggerint influències de la funcionalitat de la raça en la precisió de les dades genealògiques. Aquesta tesi destaca la importància de consideracions específiques de races en avaluacions de diversitat genètica, revelant diferències i patrons evolutius, a més

de similituds en el transfons genètics entre subpoblacions, suggerint un procés evolutiu similar. No obstant això, la funcionalitat de les races i les seves activitats específiques mostraren diferències significatives en paràmetres de diversitat genètica, indicant que la funció de les races pot influir en la evolució de la diversitat genètica, fins i tot en condicions de aïllament geogràfica compartit.

En darrer lloc, aquesta tesi que examina la transició de races autòctones de cans des dels seus rols històrics com a cans de treballs a ser animals de companya, centrant-se en els riscos associats amb aquesta evolució. S'observa una significativa disparitat de riscos entre races utilitzades històricament per a caça/caça de rates i aquelles dedicades a rols de guarda/pasturatge. El risc en races de caça / caça de rates és 1.5 vegades major, assenyalant desafiaments substancials en la seva adaptació a la vida domèstica. Utilitzant metodologies quantitatives i anàlisis estadístics, la investigació proporciona evidència empírica amb valors de Cramer's V de 0.25 i càlculs de la raó de possibilitats, quantificant el risc en elevat. Aquests resultats numèrics ofereixen una comprensió detallada de les dinàmiques que influeixen en el canvi de rols, amb implicacions per al patrimoni cultural, percepcions socials i conservació genètica de races autòctones de cans.

En el seu conjunt, els resultats obtinguts en aquesta tesi doctoral contribuiran a l'impuls i enriquiment d'estratègies eficaces per a la conservació sostenible d'un recurs genètic en perill d'extinció a Espanya. Més enllà de la protecció de la biodiversitat animal, això implica també la preservació del valuós patrimoni històric sociocultural de les Illes Balears. Des de la perspectiva de la investigació, les metodologies implementades, optimitzades i validades en aquest treball són extrapolables a altres poblacions, representant així una innovació significativa en el limitat conjunt de procediments metodològics disponibles per a la caracterització de la biodiversitat global de l'espècie canina. En aquest sentit, la investigació, al oferir diverses perspectives, es converteix en una valuosa guia per a criadors, associacions i responsables polítics al proporcionar estratègies efectives de conservació. Això contribueix no només a preservar la biodiversitat de les races canines autòctones de les Illes Balears, sinó també a salvaguardar el ric patrimoni cultural associat a aquestes races.

Summary

In the Balearic Islands, five canine breeds are officially recognised: the Ca de Bestiar (CB), the Ca de Bou (CBOU), the Podenco Ibicenco (PI), the Ca Rater mallorquí (CR), and the Ca Mè (CM), along with one breed grouping, the Ca de Conills de Menorca (CC). The Balearic Islands are home to the largest repository of canine genetic diversity in Spain, representing approximately 20% of the country's heritage.

The Balearic Islands, with their varied ecosystems and cultural heritage, provide a unique backdrop for the study of native dog breeds. This research aims to unravel the stories that illuminate the past, shed light on the present and guide the future of these dog populations.

The indigenous dog populations of the Balearic Islands have been meticulously moulded over the centuries, carefully selected to perform specific functions rooted in their respective environments. However, factors such as modernisation, urbanisation and changing social preferences have emerged as latent threats, endangering continuity of these breeds and threatening the erosion of their valuable cultural heritage, functional utility and genetic diversity. Persistent crossbreeding with foreign breeds has been and continues to be a significant risk to the genetic purity of these dog breeds.

To effectively address the challenges faced by the native canine breeds of the Balearic Islands, it is imperative to conduct a detailed analysis of the various protective structures supporting these populations, as well as their interactions with their human counterparts. This analysis should encompass the chronological evolution of native canine breeds, the genetic diversity characterizing these breeds, all while understanding the intrinsic vulnerability of native canine breeds to functional loss.

This doctoral thesis, which focuses on the canine populations of the Balearic Islands, represents a comprehensive investigation that takes a deep dive into the preservation and sustainability of the indigenous dog breeds in this specific geographical region. Through this

comprehensive research, it seeks not only to understand the evolutionary history of these breeds, but also to propose effective measures and strategies for their long-term conservation and protection. It is hoped to shed light on the complexity of the factors that influence the preservation of these native breeds.

To examine the temporal dynamics and census evolution of endangered dog breeds in the Balearic Islands, we propose to validate the usefulness of Canonical Discriminant Analysis (CDA) and CHAID decision trees, with special emphasis on breeders' associations. CDA, by identifying multicollinearity problems, ensures reliable analyses by systematically excluding variables with potential collinearity problems. The effectiveness of the model in capturing approximately 100% of the variability is highlighted, indicating its ability to distinguish between breeds. The total number of animals present in the herd book records emerges as a key factor in the discrimination patterns. Rapid recognition of associations accelerates preservation efforts, emphasising the importance of proactive measures. This thesis highlights the relevance of maintaining traditional uses, especially hunting, for the preservation of breeds. Those dedicated to herding or guarding functions show a greater susceptibility to decline, justifying the need for specific conservation approaches. The census of the Balearic dog breeds, especially focused on the females of the foundational register, is crucial for their long-term conservation. In the analysis of temporal dynamics that provides valuable insights into the preservation of the breeds, correlations between variables are denoted, highlighting the importance of early recognition with strong negative correlations at later stages. Associations play a central role, showing positive correlations in their temporal dynamics. Connections between the development of associations and the achievement of official regional and national recognition are identified, providing valuable insights into the preservation of breeds.

In reference to the complex relationships between the native dog breeds of the Balearic Islands and their human counterparts, namely breeders and owners. using canonical correlation analysis, significant positive and negative correlations are identified within the different studbook records, suggesting changes in the dynamics of breed documentation and

increased awareness of pedigree across generations, as well as correlations between breeders/owners and several early records, where breeders have a positive influence, underlining their crucial role in the early stages of the breed. Gender preferences are observed in the registrations, with a historical bias towards female registrations during the foundational stages that gradually shifts in favour of males in the final registrations. In conclusion, the research highlights the interconnected roles of breeders, owners and comprehensive registries in preserving genetic diversity among Balearic dog breeds, emphasising the need for continued efforts to address gaps in genealogical data for a more accurate understanding of breed dynamics. Likewise, using Pearson Product-Moment correlations and adjusting to the legal framework of Royal Decree 558/2001, this thesis reveals positive and negative patterns among the herd book records. It highlights the vital importance of a solid foundation base, especially in females, for the effective consolidation of the breed. Furthermore, negative correlations with ancillary records suggest a diminished role when the foundational base is strong. Robust relationships between genders and strong correlations with total censuses are identified, indicating systematic approaches to registration. Surprisingly, females in the Auxiliary Birth Register lack correlations. In conclusion, this analysis provides valuable information on the dynamics of the pedigree register, highlighting the importance of a sound foundational basis, especially in relation to female censuses, for the successful evolution of endangered dog populations towards standardised breeds. The findings guide pedigree record management and warrant further exploration in specific categories, with the caveat that, while correlation identifies associations, discerning causation requires nuanced interpretation and domain knowledge.

In reference to the breed standard, CHAID and generalised Procrustes analysis are used to identify key variables of indigenous dog breeds of the Balearic Islands. Factors such as functional classification, ear configuration, withers prominence, arm length, withers/rump height ratio, abdomen shape and body proportionality are highlighted. The dynamic nature of breed standards and the need for continued research for accurate descriptions is highlighted. The lack of specific variables in the standards may affect the understanding of breed characteristics. The role of recognition status and functionality in breed differentiation

is emphasised, recommending caution when modifying standards and highlighting the need for evidence-supported validity. The various levels of recognition of Balearic landraces and their path to global recognition are discussed, showing the complexities involved. Spearman correlations and Procrustes residuals are used to assess the relationships between zoometric, phaneroptic and behavioural variables. Spearman correlations quantify associations between traits, guiding the prioritisation of elements for robust breed standards. Procrustes residuals add a geometric dimension, revealing subtle morphological deviations. The integration of statistical and geometric analysis changes the paradigm in breed standard selection, enabling stakeholders to address the complexity of variables. Systematic evaluation of physical and temperamental traits ensures a holistic understanding, identifying mandatory elements and revealing combinations that signal a lack of distinctive traits. The findings offer valuable insights for breeders, enthusiasts and judges, guiding them towards recognised standards and preserving the distinctive qualities of the breed.

Regarding the analysis of genetic diversity in Balearic dog breeds, focusing on key microsatellite markers and their intricate relationships, conflicts between parameters such as polymorphic information content and expected heterozygosity are evaluated. Conflicts between parameters such as polymorphic information content and expected heterozygosity are evaluated. The convergence of markers such as observed heterozygosity and expected heterozygosity provides information on population dynamics. The effective number of alleles and expected heterozygosity reveal the adaptability and persistence of the population. The relationship between Inbreeding Coefficient and deviations from Hardy-Weinberg Equilibrium clarifies the impact of inbreeding on heterozygosity, with implications for marker-based conservation strategies. These findings inform conservation strategies and improve decision-making in genetic programmes and evaluations, contributing to the preservation of dog breeds. A one-dimensional test of equality of measurements is also performed through detailed analysis of panels of microsatellite markers, where these markers are used to unravel genetic complexities, providing unique molecular signatures for each breed. The research evaluates the effectiveness of these markers in identifying distinct breeds, providing information on genetic diversity, informativity and deviations from Hardy-

Weinberg equilibrium. The results reveal specific markers that indicate homogeneity within breeds, while others reflect variability, especially in breeds with lower genetic diversity. The importance of carefully selecting markers for a comprehensive panel is highlighted, considering the subtleties of genetic diversity in different breeds. These findings provide valuable information for breed management, conservation and selection programmes.

The research evaluates the effectiveness of these markers in identifying distinct breeds, providing information on genetic diversity, informativity and deviations from Hardy-Weinberg equilibrium. The results reveal specific markers that indicate homogeneity within breeds, while others reflect variability, especially in breeds with lower genetic diversity. The importance of carefully selecting markers from a full panel is highlighted, considering the subtleties of genetic diversity within breeds. These results provide valuable information for breed management, conservation and selection programmes. Different inbreeding coefficient and pedigree integrity values are revealed among the study populations, highlighting the CM with higher pedigree integrity and lower inbreeding coefficient. The linkage of birth trends to breed recognition is discussed, suggesting influences of breed functionality on the accuracy of pedigree data. This thesis highlights the importance of breed-specific considerations in genetic diversity assessments, revealing evolutionary differences and patterns, as well as similarities in genetic background between subpopulations, suggesting a similar evolutionary process. However, the functionality of breeds and their specific activities showed significant differences in genetic diversity parameters, indicating that the function of breeds may influence the evolution of genetic diversity, even under conditions of shared geographical isolation.

Finally, this thesis examines the transition of native dog breeds from their historical roles as working dogs to companion pets, focusing on the risks associated with this evolution. A significant disparity in risk is observed between breeds historically used for hunting/tracking and those dedicated to guarding/herding roles. The risk in hunting/herding breeds is 1.5 times higher, indicating substantial challenges in adapting to domestic life. Using quantitative methodologies and statistical analysis, the research provides empirical

evidence with Cramér's V values of 0.25 and odds ratio calculations, quantifying the risk at high risk. These numerical results provide a detailed understanding of the dynamics influencing role change, with implications for cultural heritage, social perceptions and genetic conservation of indigenous dog breeds.

As a whole, the results obtained in this doctoral thesis will contribute to the promotion and enrichment of effective strategies for the sustainable conservation of a genetic resource in danger of extinction in Spain. Beyond the protection of animal biodiversity, this also implies the preservation of the valuable socio-cultural historical heritage of the Balearic Islands. From a research perspective, the methodologies implemented, optimised and validated in this work are extrapolated to other populations, thus representing a significant innovation in the limited set of methodological procedures available for the characterisation of the global biodiversity of the canine species. In this sense, the research, by offering diverse perspectives, becomes a valuable guide for breeders, associations and policy makers by providing effective conservation strategies. This contributes not only to preserving the biodiversity of the native dog breeds of the Balearic Islands, but also to safeguarding the rich cultural heritage associated with these breeds.

INTRODUCCIÓN/INTRODUCTION

Introducción

Durante milenios, humanos y perros han forjado un vínculo único, entrelazando sus destinos. Las razas caninas autóctonas de diversas regiones del mundo son el legado de siglos de coevolución entre humanos y perros [1] y se han convertido en encarnación viva de la cultura, la tradición y la utilidad.

En las Islas Baleares se reconocen oficialmente cinco razas caninas: el Ca de Bestiar (CB), el Ca de Bou (CBOU), el Podenco Ibicenco (PI), el Ca Rater mallorquín (CR) y el Ca Mè (CM), junto con una agrupación racial canina, el Ca de Conills de Menorca (CC). El Real Decreto 558/2001 [2], promulgado el 25 de mayo, regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura en España. Nace de la necesidad de armonizar los criterios de las razas incluidas en el Tratado de la Comunidad Europea, especialmente de aquellas que carecen de regulación específica. El decreto se ajusta a las normas de la UE, garantizando la conservación, mejora y promoción de las diversas razas caninas. El reconocimiento de cinco razas caninas en las Islas Baleares: tiene un significado histórico por lo que representa a nivel nacional, reconocidas oficialmente entre 2001 [2] y 2004 [3]. Cabe destacar que el año 2007 se realizó el reconocimiento formal de una agrupación racial dentro de la familia canina conocida como Ca de Conills de Menorca (CC), lo que significa un compromiso continuo con la preservación de la rica diversidad de razas caninas de la región.

Según la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) y su Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (DAD-IS), estas cinco razas oficialmente reconocidas se clasifican como autóctonas, cada una de las cuales posee una designación geográfica local única, mientras que su estado de riesgo sigue estando categorizado como desconocido.

Las Islas Baleares albergan el mayor repositorio de diversidad genética canina en España, con aproximadamente el 20% del patrimonio del país [4]. Esta rica variedad de razas caninas constituye una parte significativa del patrimonio genético de las Islas Baleares. Estas

islas han nutrido una variedad de razas autóctonas de perros intrincadamente entrelazadas en el tejido de las comunidades locales. Más allá de la simple compañía, estos perros están profundamente arraigados en el tapiz cultural e histórico de la región, simbolizando el vínculo perdurable entre los humanos y los perros.

El reconocimiento oficial de las razas caninas autóctonas es un primer paso crucial para su conservación. Al reconocer la importancia histórica y cultural de estas razas, los gobiernos, los clubes caninos y las organizaciones de razas proporcionan un marco legal y moral para su conservación. El reconocimiento oficial saca a estas razas de la sombra, atrayendo el interés, la financiación y el apoyo de los sectores público y privado. Valida las funciones de estas razas en sus respectivas regiones y fomenta la continuidad de estas funciones en un mundo cambiante. El reconocimiento oficial también eleva a las razas caninas autóctonas del ámbito de lo "vernáculo" o "no oficial" a la esfera de los perros con pedigrí, permitiendo su participación en exposiciones, concursos y programas de cría colaborativos. Antes de su reconocimiento oficial, ya fuera como asociaciones de criadores de perros de pura raza o como agrupación racial, los criadores de estos linajes se organizaron en clubes o asociaciones entre 1978 y 2010 para ayudar a la conservación y cría de estos recursos genéticos de forma organizada [5].

Las poblaciones caninas autóctonas de las Islas Baleares fueron cuidadosamente seleccionadas y criadas a lo largo de los siglos para cumplir funciones específicas arraigadas en sus entornos. El CB para vigilar el ganado autóctono y como guardián de la casa de los visitantes no deseados [6], el CBOU como perro de presa [6], el PI para la caza [7], el CR para la captura de ratas [8], el CM para un método de caza único [6] y el CC para la caza del conejo [6]. Estas razas, estrechamente ligadas a sus funciones tradicionales, se adaptaron a sus respectivos entornos de manera especializada.

A partir de la década de 1960, con el aumento del turismo, el comercio y la globalización, estas razas autóctonas se enfrentaron al desafío del cruce con razas extranjeras [9]. Este fenómeno afectó especialmente al CB, que se cruzó con pastores alemanes, dóberman, mastines y Gran danés [10], y al CM, que experimentó cruces similares con otras

razas [11]. Estos cruces representaron un riesgo considerable para la pureza genética de las razas baleares, amenazando la preservación de su patrimonio genético y funcional.

Más allá de su diversidad genética, estas razas desempeñaron roles cruciales en la sociedad balear a lo largo de los siglos. Participaron activamente en actividades como la caza [12], el pastoreo [13], compañerismo [14], siendo parte integral de la vida diaria de los habitantes de las Islas Baleares. Sin embargo, la conservación de estas valiosas razas autóctonas ha enfrentado desafíos significativos en tiempos modernos. Factores como la modernización, urbanización y cambios en las preferencias sociales han representado amenazas para la continuidad de estas razas, poniendo en peligro la erosión del patrimonio cultural, la utilidad funcional y la diversidad genética. Los cruces continuos con razas extranjeras [10,11], han sido y siguen siendo un riesgo importante para la pérdida de pureza.

Las Islas Baleares, no solo albergan una rica herencia cultural, sino que también actúan como un depósito vital de diversidad genética canina en España. El archipiélago balear sirve como evidencia empírica de la dinámica evolutiva de los compañeros caninos, selectivamente refinados para un espectro de funcionalidad especializada, que incluyen la caza experta, la vigilancia atenta y el pastoreo competente y meticuloso. Sin embargo, su utilidad se extiende más allá de los rasgos funcionales innatos para abarcar la resistencia a adversidades regionales, incluyendo el estrés por calor y el insidioso espectro de enfermedades endémicas como la leishmaniosis. Estos atributos funcionales, tendencias comportamentales y mecanismos de resistencia están indeleblemente grabados en el núcleo de estas razas. Esto es evidente en el caso del PI, en relación con su resistencia a la leishmaniosis [15]. A pesar de los desafíos actuales, la preservación de estas razas no solo implica la protección de la diversidad genética, sino también la garantía de la continuidad de funciones profundamente entrelazadas con la historia y la cultura humana. La transformación en los roles funcionales de estas razas a lo largo de los años refleja una narrativa intrigante, marcada por la transición de animales de trabajo indispensables a apreciados animales de compañía [16], con la consecuente integración en el ámbito doméstico [17].

A medida que nos adentramos en el polifacético mundo de las razas caninas autóctonas y su conservación, se hace evidente que es mucho lo que está en juego. La diversidad de estas razas, que abarcan una amplia gama de apariencias, temperamentos y habilidades, es un testimonio de la adaptabilidad y resistencia del perro doméstico. Paradójicamente, muchas de estas razas corren el riesgo de desaparecer debido a factores interrelacionados, como el auge de razas estandarizadas y populares en todo el mundo, la urbanización, los cambios en las prácticas agrícolas y las presiones económicas.

En las Islas Baleares, la necesidad de perros funcionales para tareas específicas (caza, pastoreo, guarda, defensa, presa) ha disminuido, sobre todo a medida que el sector primario y los cazadores, que pueden demandar este tipo de perros, se convierten en grupos cada vez más minoritarios [18,19]. El motor económico, especialmente el turismo, no requiere estos roles funcionales. El cambio en el papel de las razas autóctonas de animales de trabajo a animales de compañía o mascotas queda ejemplificado por la transformación del CR de raza de caza y guarda a mascota [8]. Este cambio de funcionalidad, junto con el cruce con razas extranjeras, supone el mayor peligro para la pérdida de identidad de las razas baleares.

Las Islas Baleares, con sus variados ecosistemas y su patrimonio cultural, constituyen un telón de fondo único para el examen de las razas caninas autóctonas. Más allá del mero análisis cronológico, esta investigación pretende descifrar las narrativas que forjan el pasado, iluminan el presente y orientan el futuro de estas poblaciones caninas. La condición de archipiélago de la región plantea dificultades, ya que hay que encontrar un delicado equilibrio entre el aislamiento geográfico [20] y la necesidad de coordinar los esfuerzos de conservación [21].

Para abordar con éxito los desafíos que enfrentan las razas caninas autóctonas, resulta imperativo explorar a fondo las diversas estructuras de protección que sustentan estas poblaciones y las relaciones con sus homólogos humanos. Este análisis debe abarcar la evolución cronológica de las razas, desde su reconocimiento oficial como razas caninas autóctonas hasta etapas clave como el desarrollo de libros genealógicos, la creación de asociaciones de criadores y la implementación de estándares de raza. Es esencial adentrarse en

la riqueza informativa y diversidad genética que caracteriza a estas razas, así como comprender la vulnerabilidad inherente de las razas caninas autóctonas al desgaste funcional. Estos elementos, cuando se ensamblan con meticulosidad, no solo prometen conservar la diversidad genética de las razas caninas autóctonas, sino también salvaguardar su profundo significado histórico, cultural y funcional. La comprensión holística de estas dinámicas estructuras de protección se erige como un pilar fundamental en los esfuerzos de conservación, ofreciendo la promesa de un futuro donde estas razas no solo persistan en su diversidad genética, sino que también continúen desempeñando roles vitales en la narrativa histórica, cultural y funcional a las que pertenecen. En cuanto a la evolución cronológica de las razas, la exploración comienza con un examen del tiempo transcurrido desde los primeros registros hasta el reconocimiento del primer estándar, un periodo en el que arraiga la identidad de la raza [22]. Progresando en el tiempo, la transición de la publicación del primer estándar de la raza a la creación de la asociación supone la evolución de la tradición de preservación [23] a los esfuerzos organizados de conservación [24]. Estos hitos marcan la evolución dinámica de los cánidos y ponen de relieve la intrincada interacción entre la gestión humana y la dinámica medioambiental de las islas. En el contexto de los retos que plantea el archipiélago balear, el papel de las asociaciones [25] se convierte en fundamental. Estas organizaciones se convierten no sólo en guardianes de los estándares de la raza [5], sino también en contribuyentes a la sostenibilidad dentro del ecosistema [26] insular. Las asociaciones actúan como puentes, conectando a entusiastas y expertos en una sinfonía de colaboración que abordan los retos planteados por la singular geografía de la región.

En lo que respecta al desarrollo del libro genealógico y las interconexiones entre las razas de perros autóctonas de las Islas Baleares y sus equivalentes humanos, en particular, los criadores y propietarios, cabe destacar que la diversificación de los registros del libro genealógico en categorías fundacionales, de nacimiento, auxiliares y definitivas adquiere una importancia primordial. Este enfoque resulta crucial para la documentación y preservación exhaustivas de las razas de perros, contribuyendo significativamente a la comprensión y conservación de su legado genético y funcional. El registro fundacional captura las entradas iniciales durante el inicio de una raza, sirviendo como base para la diversidad genética. Los

registros de nacimiento marcan la introducción de nuevas generaciones, proporcionando una instantánea dinámica de la evolución de una raza. Los registros auxiliares desempeñan un papel crucial al dar cabida a animales con genealogía desconocida, lo que garantiza la flexibilidad en la incorporación de diversos linajes. El registro definitivo, por otro lado, significa una confirmación meticulosa del pedigrí de un perro, ofreciendo un repositorio confiable de información ancestral. Esta estratificación permite una comprensión matizada de la dinámica de la raza, el linaje genético y los cambios históricos en las preferencias, lo que ayuda a criadores, investigadores y entusiastas por igual. Al reconocer las distintas funciones de cada tipo de registro, los libros genealógicos contribuyen significativamente a la preservación del patrimonio genético y a la gestión sostenible de las razas caninas a lo largo del tiempo. Esta investigación amplía su alcance para enfatizar el papel fundamental de las asociaciones de criadores [25]. Los esfuerzos de colaboración de los criadores dentro de estas asociaciones dan forma a las perspectivas culturales y las actitudes sociales hacia las razas de perros autóctonas, presentando un enfoque multidimensional para la preservación de la raza. En el ámbito de la conservación canina, nuestra atención se centra especialmente en las razas en peligro de extinción, en las que el delicado equilibrio entre diversidad genética y rasgos funcionales es primordial para la supervivencia. Los esfuerzos de conservación van más allá del ámbito cuantitativo de los números de registro y exigen una comprensión matizada de los atributos funcionales que confieren a estas razas cualidades únicas, perfeccionadas a lo largo de generaciones [27] para servir a fines específicos. En las Islas Baleares, como en otros lugares, la esencia de las razas en peligro de extinción no reside únicamente en su representación genética, sino en la preservación de rasgos distintivos que han resistido la prueba del tiempo. Este enfoque busca proporcionar percepciones sobre las interacciones dinámicas de las prácticas de cría, las presiones selectivas que influyen en la diversidad genética y la salud genómica general de las razas de perros en las Islas Baleares.

El reconocimiento como raza pura implicó a las asociaciones un trabajo previo riguroso, basado en el estudio de ejemplares resilientes, que comenzaba con la comprensión de los orígenes de las poblaciones y culminaba con la descripción de su patrón racial. Estos esfuerzos sirvieron de base para argumentar que estas poblaciones iniciales, a lo largo del

tiempo y a través del aislamiento, se han constituido como razas, dando lugar al reconocimiento oficial por parte de las autoridades españolas [2]. El camino hacia la creación de estándares de raza para estos perros promete no sólo la protección de su inestimable legado, sino también el potencial para revitalizar su papel en el tejido cultural de las islas y más allá. A través de una fusión de conocimientos genéticos, perspectivas culturales y aplicaciones prácticas, los estándares de raza recogen los rasgos morfológicos únicos que hacen a estas razas especialmente aptas para los entornos donde desarrollan su trabajo, sus temperamentos y las características funcionales de estas razas, combinando tradición y modernidad como uno de los primeros pasos en la búsqueda de la salvaguarda de las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares. Se pretende identificar elementos distintivos entre diferentes razas caninas, asegurando que los elementos seleccionados sean no solo distintivos sino también representativos de las características intrincadas que definen a cada raza [28]. Mediante una integración armoniosa de los análisis estadísticos y geométricos, los criadores e investigadores pueden navegar por la compleja red de variables que definen la identidad de una raza. Este enfoque holístico permite a los interesados tomar decisiones con conocimiento de causa, no sólo basadas en la significación estadística, sino también en los matices geométricos que contribuyen al panorama fenotípico y conductual general.

En el análisis de la diversidad genética de estas razas autóctonas mediante técnicas moleculares, se encuentra inmerso en un constante flujo de innovación. Mientras que la modernidad aporta beneficios múltiples, también plantea un desafío sin precedentes para la fidelidad genética de estos reservorios autóctonos. Se pretende una expedición hacia la caracterización genética molecular de las razas de perros de baleares. Se han realizado numerosos estudios sobre diversidad genética a nivel nacional e internacional utilizando microsatélites [29]. Actualmente, las razas de perros y agrupación racial de baleares oficialmente reconocidas han sido objeto de estudios de caracterización genética y análisis de relaciones genéticas con otras razas de perros españolas, empleando marcadores moleculares, específicamente microsatélites de ADN. Los microsatélites de ADN utilizados cumplen con las recomendaciones de la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG) para el análisis de la diversidad genética y las pruebas de paternidad canina. Esto incluye un panel principal

con 21 marcadores y un panel adicional de 12 marcadores, según lo indicado por Aguilera, et al. [30]. Estos 33 microsatélites cumplen con los requisitos establecidos por la FAO para tales paneles. Las pruebas de paternidad con microsatélites ya son una realidad en las razas de perros de baleares como resultado de los estudios de caracterización genética realizados y juegan un papel fundamental en la conservación de la integridad genética de estos cánidos autóctonos. En casos donde la genealogía no puede ser verificada debido a diversas circunstancias, como sugieren Martínez, et al. [31], se puede asignar el animal a la raza en cuestión. Si el perfil genético del animal se alinea con el perfil de la raza, se puede considerar un animal de raza pura y puede ser registrado en el Libro Genealógico sin causar deterioro genético de la raza. Esto se basa en el enfoque descrito por Davies, et al. [32], donde los marcadores genéticos de ADN brindan la oportunidad de utilizar genotipos individuales para determinar la población de origen de los individuos. Por lo tanto, la asignación a la raza es un método para considerar en programas de conservación para razas altamente amenazadas al registrar animales con genealogía que no puede ser verificada. En la era contemporánea, las herramientas genéticas modernas, incluidos los microsatélites y los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), proporcionan una profunda visión del código genético que subyace a los atributos innatos de estos notables cánidos. Estos marcadores moleculares desvelan los misterios que subyacen a sus habilidades funcionales excepcionales, predisposiciones comportamentales intrínsecas e incluso su resistencia a las demandas ambientales y a la salud. Estos marcadores son secuencias de ADN con al menos dos variantes alélicas detectables, y pueden identificar los alelos contribuidos por el padre y la madre. También pueden ser útiles en la selección para los criadores en casos donde se han establecido relaciones directas entre características de funcionalidad o comportamiento y variantes alélicas específicas. Los marcadores de microsatélites, también conocidos como repeticiones cortas en tándem (STR), forman un componente crucial de los estudios genéticos, ya que ofrecen información única sobre la diversidad [33] y las relaciones dentro de las poblaciones [31]. En el ámbito de las razas caninas de baleares, estos marcadores de microsatélites sirven como señales genéticas, guiando a los investigadores a través del intrincado panorama de los genomas caninos. La lista de marcadores de microsatélites [30] proporcionada abarca un conjunto diverso de loci, cada uno con su secuencia específica de nucleótidos. Estos marcadores, como AHT137,

AHTh130 y otros, se seleccionan por su naturaleza polimórfica [34], donde el número de unidades repetidas varía entre individuos. Este polimorfismo permite la creación de perfiles genéticos distintos, convirtiendo cada marcador en una firma molecular para cada perro. La diversidad genética, un aspecto fundamental de la salud de la población, se revela a través del análisis de estos marcadores. El número medio de alelos y los valores esperados de heterocigosidad proporcionan una medida cuantitativa de la riqueza genética [35] dentro de cada raza. Los marcadores, que actúan como ventanas al genoma canino, revelan la composición genética única de las razas de perros de baleares. Las desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg [36] observadas en algunos marcadores insinúan la compleja interacción de las fuerzas evolutivas dentro de estas poblaciones. Estas desviaciones, ya sean debidas a presiones selectivas, deriva genética u otros factores, añaden capas de matices a nuestra comprensión de la dinámica genética en juego. La capacidad informativa, medida a través de parámetros como el contenido de información polimórfica, subraya la utilidad de estos marcadores para distinguir entre individuos [37]. Los marcadores altamente informativos contribuyen significativamente a la precisión de los análisis genéticos, ayudando en la delineación de relaciones genéticas y la identificación de rasgos genéticos únicos dentro de cada raza. Más allá de las fronteras de las razas individuales, estos marcadores de microsatélites tejen un tapiz genético que conecta las poblaciones caninas de baleares. Facilitan el examen de las relaciones genéticas entre razas [31], ofreciendo destellos de la ascendencia compartida y ayudando a los esfuerzos de conservación de estos linajes caninos distintos. En esencia, los marcadores de microsatélites utilizados se erigen como narradores moleculares [38], contando los relatos genéticos de las razas caninas de baleares. Sus polimorfismos genéticos reflejan la diversidad única dentro de cada raza, las variaciones alélicas destacan la individualidad, y las desviaciones del equilibrio revelan las dinámicas evolutivas que configuran los paisajes genéticos de estas poblaciones caninas.

En cuanto a la diversidad genética basada en el estudio del pedigrí, se destaca que las etapas iniciales de la estandarización morfofuncional de una raza pueden promover el cruce entre parientes cercanos para identificar y fijar las características o cualidades que definen una raza. Esta selección masiva inicial se lleva a cabo sin tener en cuenta los posibles efectos

perjudiciales derivados de la pérdida simultánea de diversidad genética y el aumento de otros parámetros como la endogamia. Las preocupaciones sobre los posibles efectos de la endogamia y la reducción de la diversidad en la salud, funcionalidad y bienestar de las razas de perros han llevado a la llamada de prácticas mejoradas de gestión genética [39]. La funcionalidad o el propósito al que se destinan las razas condiciona los patrones que impulsan los mecanismos de diversidad genética. Sin embargo, autores como Pedersen et al. [40] sostienen que la importancia de la funcionalidad como agente impulsor de la diversidad genética puede haber quedado enmascarada por otros factores más populares, como la conformación o morfología. Las razas de perros han sido tradicionalmente clasificadas según su uso, lo que tendía a agrupar algunas razas genéticamente no relacionadas, especialmente cuando se consideraban perros de origen geográfico ampliamente diferente [41]. Como resultado, evaluar la función para la cual las razas se utilizan actualmente puede virtualmente permitir rastrear las razas modernas de perros hasta sus orígenes [40]. Las razas tradicionalmente vinculadas a un propósito funcional específico pueden haber evolucionado en el contexto del uso original en el que se construyó la relación humano-animal (ya sea para caza, rateo, muestreo, recuperación, persecución, guarda, pastoreo, caza de especies únicas, o actividades tan oscuras como la participación de los perros en las corridas de toros e incluso las peleas de perros). La evolución de las necesidades humanas cambió las prioridades del dueño y criador en cuanto a qué cualidades deberían considerarse al seleccionar animales para su función. Esto se hace especialmente evidente en equinos [42,43] y perros [40], para los cuales la funcionalidad puede haber desempeñado un papel crucial. Las prácticas de cría para la conformación reemplazaron criterios de un mayor rendimiento debido al desplazamiento de varias razas de trabajo para asumir un papel de mascota. Cuando se selecciona para mejorar el rendimiento, las prácticas de cría son menos propensas a llevar a cambios pronunciados en la forma y función básicas, y, por lo tanto, en la diversidad subyacente. En cambio, al seleccionar para la conformación, las prácticas de cría pueden llevar a cambios significativos en la apariencia y habilidades de rendimiento de muchas razas, a veces distorsionadas hasta extremos [40]. Aunque esta situación puede haber afectado a las razas de perros a través de sus usos en todo el mundo, ciertos factores pueden haber actuado como mitigadores o impulsores de los procesos de diversidad genética. En este sentido, la situación contextual de las razas de

perros, su expansión mundial o su popularidad pueden determinar los patrones de conservación a implementar. Factores condicionantes de la diversidad genética, como la funcionalidad, pueden ser decisivos para garantizar el futuro de las razas. La información genealógica detallada de poblaciones en peligro, su diversidad genética, la evaluación de su estructura poblacional y las prácticas de conservación o políticas de cría implementadas se han convertido en herramientas indispensables para el desarrollo de programas de conservación, ya que el valor de los individuos reproductores se determina considerando su ascendencia, lo que confiere estrictamente una base económica al control de la endogamia y la gestión de apareamiento.

En cuanto a la vulnerabilidad inherente de las razas caninas autóctonas al desgaste funcional, las razas cazadoras [44] o de rateo, impregnadas de la herencia del rastreo y la captura de presas, se enfrentan a problemas de adaptación a la naturaleza sedentaria asociada a la vida doméstica. Los instintos evolutivamente perfeccionados para la toma de decisiones independiente y los movimientos rápidos y ágiles pueden ser incongruentes con el entorno restringido de la vida doméstica, precipitando una disminución de la funcionalidad original [45]. Al mismo tiempo, el bienestar animal [46] contemporáneo y los movimientos activistas [47], que abogan contra el uso profesional de los perros, sobre todo en la caza contribuyen a la evolución de la percepción social, influyendo así en la disminución del énfasis funcional en estos roles. Esto podría desembocar en la promoción de la selección negativa en contra de caracteres incompatibles con el mantenimiento de estas razas en ambientes domésticos a largo plazo. Por el contrario, las razas diseñadas para funciones de guarda o pastoreo [48], dotadas de proclividad a los comportamientos protectores, pueden alinearse con las responsabilidades de la vida doméstica. Sus rasgos inherentes de vigilancia, lealtad y cuidado facilitan potencialmente una transición más fluida, preservando un mayor grado de su funcionalidad original en un entorno doméstico. Reconociendo el discurso social más amplio en torno al bienestar animal y las consideraciones morales, estos movimientos activistas abogan por una reevaluación crítica de las implicaciones éticas [49] asociadas al empleo de perros en funciones concretas de trabajo. Las repercusiones de la disminución de la funcionalidad de las razas caninas autóctonas van más allá de aquellas repercusiones en otras razas ya que estas ejercen

unas profundas implicaciones sociales. La capacidad de estas razas para competir eficazmente con otras razas internacionales [11] pone en peligro su utilización continuada, precipitando la pérdida del patrimonio cultural íntimamente entrelazado con sus características únicas y su significado histórico. Este cambio de paradigma no sólo afecta a los aspectos utilitarios de estas razas, sino que también pone en peligro el entramado de tradiciones y vínculos culturales íntimamente ligados a su existencia. Además, las ramificaciones en la preservación de la conservación genética de estas razas son motivo de gran preocupación [22]. Los rasgos funcionales y la diversidad genética, afinados durante generaciones para adaptarse a papeles específicos en su uso, corren peligro durante la transición a animal de compañía. Esta erosión de la diversidad genética no sólo pone en peligro la salud y adaptabilidad de estas razas, sino que también obstaculiza los esfuerzos por salvaguardar los atributos genéticos distintivos que contribuyen a su individualidad. Por consiguiente, la preservación del legado genético de las razas caninas autóctonas resulta fundamental para comprender las implicaciones más amplias de su transición de animales de trabajo intensivo a animales de compañía, lo que pone de relieve la intrincada confluencia del patrimonio cultural [50], la funcionalidad y la conservación genética [26] desde una perspectiva científica.

Introduction

For millennia, humans and dogs have forged a unique bond, intertwining their destinies. The native canine breeds from various regions of the world are the legacy of centuries of coevolution between humans and dogs [1], becoming a living embodiment of culture, tradition, and utility.

In the Balearic Islands, five dog breeds are officially recognized: Ca de Bestiar (CB), Ca de Bou (CBOU), Podenco Ibicenco (PI), Ca Rater mallorquín (CR), and Ca Mè (CM), along with a breed group, Ca de Conills de Menorca (CC). The Royal Decree 558/2001 [2], enacted on May 25, regulates the official recognition of organizations or associations of purebred dog breeders in Spain. It stems from the need to harmonize the criteria of breeds included in the Treaty of the European Community, especially those lacking specific regulation. The decree aligns with EU standards, ensuring the conservation, improvement, and promotion of various dog breeds. The recognition of five dog breeds in the Balearic Islands holds historical significance as they were officially recognized between 2001 [2] and 2004 [3]. It is noteworthy that in 2007, formal recognition was granted to a breed group within the canine family known as Ca de Conills de Menorca (CC), signifying an ongoing commitment to preserving the rich diversity of dog breeds in the region.

According to the Food and Agriculture Organization (FAO) and its Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS), these five officially recognized breeds are classified as indigenous, each with a unique local geographical designation, while their risk status remains categorized as unknown.

The Balearic Islands harbor the largest repository of canine genetic diversity in Spain, encompassing approximately 20% of the country's heritage [4]. This rich variety of dog breeds constitutes a significant part of the genetic heritage of the Balearic Islands. These islands have nurtured a diverse array of native dog breeds intricately woven into the fabric of local communities. Beyond mere companionship, these dogs are deeply ingrained in the

cultural and historical tapestry of the region, symbolizing the enduring bond between humans and dogs.

The official recognition of native dog breeds is a crucial first step for their conservation. By acknowledging the historical and cultural significance of these breeds, governments, canine clubs, and breed organizations provide a legal and moral framework for their preservation. Official recognition brings these breeds out of the shadows, attracting interest, funding, and support from both the public and private sectors. It validates the roles of these breeds in their respective regions and encourages the continuity of these roles in a changing world. Official recognition also elevates native dog breeds from the realm of "vernacular" or "unofficial" to the sphere of pedigree dogs, allowing their participation in exhibitions, contests, and collaborative breeding programs. Before their official recognition, whether as purebred dog breeders' associations or breed groups, breeders of these lineages organized themselves into clubs or associations between 1978 and 2010 to aid in the organized conservation and breeding of these genetic resources [5].

The native canine populations of the Balearic Islands were carefully selected and bred over centuries to fulfill specific functions deeply rooted in their environments. The Ca de Bestiar (CB) for watching over native livestock and as a guardian against unwanted visitors [6], the Ca de Bou (CBOU) as a catch dog [6], the Podenco Ibicenco (PI) for hunting [7], the Ca Rater mallorquí (CR) for rat-catching [8], the Ca Mè (CM) for a unique hunting method [6] and the Ca de Conills de Menorca (CC) for rabbit hunting [6]. These breeds, closely tied to their traditional functions, adapted to their respective environments in a specialized manner.

From the 1960s onwards, with the increase in tourism, trade, and globalization, these native breeds faced the challenge of crossbreeding with foreign breeds [9]. This phenomenon particularly impacted the Ca de Bestiar, which was crossed with German Shepherds, Dobermans, Mastiffs, and Great Danes [10], and the Ca Mè, which underwent similar crosses with other breeds [11]. These crossbreeds posed a significant risk to the genetic purity of the Balearic breeds, threatening the preservation of their genetic and functional heritage.

Beyond their genetic diversity, these breeds have played crucial roles in Balearic society throughout the centuries. They actively participated in activities such as hunting [12], herding [13], companionship [14], becoming an integral part of the daily life of the inhabitants of the Balearic Islands. However, the conservation of these valuable native breeds has faced significant challenges in modern times. Factors such as modernization, urbanization, and changes in social preferences have posed threats to the continuity of these breeds, endangering the erosion of cultural heritage, functional utility, and genetic diversity. Continuous crossbreeding with foreign breeds [10,11]. has been and continues to be a major risk for loss of purity.

The Balearic Islands not only harbor a rich cultural heritage but also act as a vital repository of canine genetic diversity in Spain. The Balearic archipelago serves as empirical evidence of the evolutionary dynamics of canine companions, selectively refined for a spectrum of specialized functionality, including expert hunting, vigilant guarding, and competent and meticulous herding. However, their utility extends beyond innate functional traits to encompass resistance to regional adversities, including heat stress and the insidious spectrum of endemic diseases such as leishmaniasis. These functional attributes, behavioral tendencies, and resistance mechanisms are indelibly etched into the core of these breeds. This is evident in the case of the Podenco Ibicenco (PI), concerning its resistance to leishmaniasis [15]. Despite current challenges, the preservation of these breeds involves not only protecting genetic diversity but also ensuring the continuity of functions deeply intertwined with human history and culture. The transformation in the functional roles of these breeds over the years reflects an intriguing narrative, marked by the transition from indispensable working animals to cherished pets [16], with the consequent integration into the domestic sphere [17].

As we delve into the multifaceted world of native dog breeds and their conservation, it becomes evident that much is at stake. The diversity of these breeds, spanning a wide range of appearances, temperaments, and abilities, is a testament to the adaptability and resilience of the domestic dog. Paradoxically, many of these breeds are at risk of disappearing due to interconnected factors such as the rise of standardized and popular breeds worldwide, urbanization, changes in agricultural practices, and economic pressures.

In the Balearic Islands, the need for functional dogs for specific tasks (hunting, herding, guarding, defense, prey) has decreased, especially as the primary sector and hunters, who may demand such dogs, become increasingly minority groups [18,19]. The economic engine, especially tourism, does not require these functional roles. The shift in the role of native breeds from working animals to companion animals or pets is exemplified by the transformation of the CR from a hunting and guarding breed to a pet [8]. This change in functionality, along with crossbreeding with foreign breeds, poses the greatest threat to the loss of identity of Balearic breeds.

The Balearic Islands, with their diverse ecosystems and cultural heritage, provide a unique backdrop for the examination of native canine breeds. Beyond mere chronological analysis, this research aims to decipher the narratives that shape the past, illuminate the present, and guide the future of these canine populations. The region's archipelagic condition poses challenges, as it requires finding a delicate balance between geographic isolation [20] and the need to coordinate conservation efforts [21].

To successfully address the challenges facing native canine breeds, it is imperative to thoroughly explore the various protection structures that sustain these populations and their relationships with their human counterparts. This analysis should encompass the chronological evolution of the breeds, from their official recognition as native canine breeds to key stages such as the development of pedigrees, the establishment of breeder associations, and the implementation of breed standards. It is essential to delve into the informative richness and genetic diversity that characterize these breeds, as well as to understand the inherent vulnerability of native canine breeds to functional erosion. When meticulously assembled, these elements not only promise to preserve the genetic diversity of native canine breeds but also to safeguard their profound historical, cultural, and functional significance. A holistic understanding of these dynamic protection structures stands as a fundamental pillar in conservation efforts, offering the promise of a future where these breeds not only persist in their genetic diversity but also continue to play vital roles in the historical, cultural,

and functional narrative to which they belong. Regarding the chronological evolution of breeds, the exploration begins with an examination of the time elapsed from the earliest records to the recognition of the first standard, a period in which the breed's identity takes root [22]. Progressing over time, the transition from the publication of the first breed standard to the creation of the association signifies the evolution from preservation tradition [23] to organized conservation efforts [24]. These milestones mark the dynamic evolution of canines and highlight the intricate interaction between human management and the environmental dynamics of the islands. In the context of the challenges posed by the Balearic archipelago, the role of associations [25] becomes fundamental. These organizations not only become guardians of breed standards [5] but also contributors to sustainability within the island ecosystem [26]. Associations act as bridges, connecting enthusiasts and experts in a symphony of collaboration that addresses the challenges posed by the region's unique geography.

Regarding the development of the genealogical book and the interconnections between the native dog breeds of the Balearic Islands and their human counterparts, particularly breeders and owners, it is noteworthy that the diversification of genealogical records into foundational, birth, auxiliary, and definitive categories becomes of paramount importance. This approach is crucial for comprehensive documentation and preservation of dog breeds, significantly contributing to the understanding and conservation of their genetic and functional legacy. The foundational record captures the initial entries during the inception of a breed, serving as the foundation for genetic diversity. Birth records mark the introduction of new generations, providing a dynamic snapshot of the evolution of a breed. Auxiliary records play a crucial role in accommodating animals with unknown genealogy, ensuring flexibility in incorporating diverse lineages. The definitive record, on the other hand, signifies meticulous confirmation of a dog's pedigree, offering a reliable repository of ancestral information. This stratification allows for a nuanced understanding of the dynamics of the breed, genetic lineage, and historical changes in preferences, aiding breeders, researchers, and enthusiasts alike. Recognizing the distinct functions of each type of record, genealogical books significantly contribute to the preservation of genetic heritage and sustainable management of canine breeds over time. This research expands its scope to

emphasize the fundamental role of breeder associations [25]. Collaborative efforts among breeders within these associations shape cultural perspectives and social attitudes towards native dog breeds, presenting a multidimensional approach to breed preservation. In the realm of canine conservation, our focus is particularly on endangered breeds, where the delicate balance between genetic diversity and functional traits is crucial for survival. Conservation efforts go beyond the quantitative realm of registration numbers and demand a nuanced understanding of the functional attributes that confer unique qualities to these breeds, perfected over generations [27] to serve specific purposes. In the Balearic Islands, as elsewhere, the essence of endangered breeds lies not solely in their genetic representation but in the preservation of distinctive traits that have withstood the test of time. This approach seeks to provide insights into the dynamic interactions of breeding practices, selective pressures influencing genetic diversity, and the overall genomic health of dog breeds in the Balearic Islands.

Recognition as a pure breed involved rigorous preparatory work for associations, based on the study of resilient individuals. This process began with understanding the origins of populations and culminated in describing their breed standard. These efforts served as a foundation to argue that these initial populations, over time and through isolation, have evolved into distinct breeds, leading to official recognition by Spanish authorities [2]. The path towards creating breed standards for these dogs not only promises the protection of their invaluable legacy but also the potential to revitalize their role in the cultural fabric of the islands and beyond. Through a fusion of genetic knowledge, cultural perspectives, and practical applications, breed standards capture the unique morphological traits that make these breeds particularly well-suited for the environments where they perform their tasks, their temperaments, and the functional characteristics of these breeds. This process blends tradition and modernity as one of the initial steps in the quest to safeguard the native dog breeds of the Balearic Islands. The aim is to identify distinctive elements among different dog breeds, ensuring that the selected features are not only distinctive but also representative of the intricate characteristics that define each breed [28]. Through a harmonious integration of statistical and geometric analyses, breeders and researchers can navigate the complex network

of variables that define a breed's identity. This holistic approach allows stakeholders to make informed decisions, not only based on statistical significance but also on the geometric nuances that contribute to the overall phenotypic and behavioral landscape.

The analysis of the genetic diversity of these native breeds through molecular techniques is immersed in a constant flow of innovation. While modernity brings multiple benefits, it also poses an unprecedented challenge to the genetic fidelity of these autochthonous reservoirs. An expedition towards the molecular genetic characterization of Balearic dog breeds is intended. Numerous studies on genetic diversity at the national and international levels have been conducted using microsatellites [29]. At present, the officially recognised Balearic dog breeds and breed groups have been the subject of genetic characterization studies and analysis of genetic relationships with other Spanish dog breeds, using molecular markers, specifically DNA microsatellites. The DNA microsatellites used comply with the recommendations of the International Society for Animal Genetics (ISAG) for the analysis of genetic diversity and canine paternity testing. This includes a main panel with 21 markers and an additional panel of 12 markers, as indicated by Aguilera et al. [30]. These 33 microsatellites meet the requirements established by the FAO for such panels. Paternity testing with microsatellites is already a reality in Balearic dog breeds as a result of the conducted genetic characterization studies and plays a fundamental role in conserving the genetic integrity of these autochthonous canids. In cases where genealogy cannot be verified due to various circumstances, as suggested by Martínez et al. [31], the animal can be assigned to the relevant breed. If the animal's genetic profile aligns with the breed's profile, it can be considered a purebred animal and can be registered in the Genealogical Book without causing genetic deterioration of the breed. This is based on the approach described by Davies et al. [32], where DNA genetic markers provide the opportunity to use individual genotypes to determine the population of origin of individuals. Therefore, breed assignment is a method to consider in conservation programs for highly threatened breeds when registering animals with unverifiable genealogy. In contemporary times, modern genetic tools, including microsatellites and single nucleotide polymorphisms (SNPs), provide a profound insight into the genetic code underlying the innate attributes of these remarkable canines. These

molecular markers unveil the mysteries underlying their exceptional functional abilities, intrinsic behavioral predispositions, and even their resistance to environmental demands and health challenges. Microsatellite markers, also known as short tandem repeats (STR), form a crucial component of genetic studies, offering unique information about diversity [33] and relationships within populations [31]. In the context of Balearic dog breeds, these microsatellite markers serve as genetic signals, guiding researchers through the intricate landscape of canine genomes. The list of microsatellite markers [30], provided covers a diverse set of loci, each with its specific nucleotide sequence. These markers, such as AHT137, AHTh130, and others, are selected for their polymorphic nature [34], where the number of repeated units varies between individuals. This polymorphism allows the creation of distinct genetic profiles, turning each marker into a molecular signature for each dog. Genetic diversity, a fundamental aspect of population health, is revealed through the analysis of these markers. The average number of alleles and expected heterozygosity values provide a quantitative measure of genetic richness [35] within each breed. The markers, acting as windows into the canine genome, reveal the unique genetic composition of Balearic dog breeds. Deviations from Hardy-Weinberg equilibrium [36] observed in some markers hint at the complex interplay of evolutionary forces within these populations. These deviations, whether due to selective pressures, genetic drift, or other factors, add layers of nuance to our understanding of the genetic dynamics at play. The information capacity, measured through parameters like polymorphic information content, underscores the utility of these markers in distinguishing between individuals [37]. Highly informative markers significantly contribute to the accuracy of genetic analyses, aiding in delineating genetic relationships and identifying unique genetic traits within each breed. Beyond the boundaries of individual breeds, these microsatellite markers weave a genetic tapestry connecting Balearic canine populations. They facilitate the examination of genetic relationships between breeds [31], offering glimpses of shared ancestry and aiding conservation efforts for these distinct canine lineages. In essence, the used microsatellite markers stand as molecular narrators [38], telling the genetic stories of Balearic dog breeds. Their genetic polymorphisms reflect the unique diversity within each breed, allelic variations highlight individuality, and deviations from equilibrium reveal the evolutionary dynamics shaping the genetic landscapes of these canine populations.

Regarding genetic diversity based on pedigree studies, it is noteworthy that the early stages of morphofunctional standardization of a breed may promote mating between close relatives to identify and fix the characteristics or qualities that define a breed. This initial mass selection is carried out without considering the potential harmful effects resulting from the simultaneous loss of genetic diversity and the increase of other parameters such as inbreeding. Concerns about the potential effects of inbreeding and the reduction of diversity on the health, functionality, and well-being of dog breeds have led to calls for improved genetic management practices [39]. The functionality or purpose for which breeds are intended conditions the patterns that drive genetic diversity mechanisms. However, authors like Pedersen et al. [40] argue that the importance of functionality as a driver of genetic diversity may have been overshadowed by other more popular factors, such as conformation or morphology. Dog breeds have traditionally been classified according to their use, which tended to group some genetically unrelated breeds, especially when considering dogs of widely different geographical origins [41]. As a result, evaluating the function for which breeds are currently used can virtually trace modern dog breeds back to their origins [40]. Breeds traditionally linked to a specific functional purpose may have evolved in the context of the original use in which the human-animal relationship was built (whether for hunting, ridding, tracking, retrieving, herding, hunting specific species, or activities as obscure as dogs participating in bullfights and even dog fighting). The evolution of human needs changed the priorities of owners and breeders regarding which qualities should be considered when selecting animals for their function. This is particularly evident in horses [42,43] and dogs [40], for which functionality may have played a crucial role. Breeding practices for conformation replaced criteria for higher performance due to the displacement of various working breeds to assume a pet role. When selected to improve performance, breeding practices are less likely to lead to pronounced changes in basic form and function, and thus in underlying diversity. Instead, when selected for conformation, breeding practices can lead to significant changes in the appearance and performance abilities of many breeds, sometimes distorted to extremes [40]. Although this situation may have affected dog breeds through their uses worldwide, certain factors may have acted as mitigators or drivers of genetic diversity processes. In this regard, the contextual situation of dog breeds, their global expansion, or popularity can

determine the conservation patterns to be implemented. Conditioning factors of genetic diversity, such as functionality, can be decisive in ensuring the future of breeds. Detailed genealogical information on endangered populations, their genetic diversity, the assessment of their population structure, and the conservation practices or breeding policies implemented have become indispensable tools for the development of conservation programs. The value of breeding individuals is determined by considering their ancestry, strictly providing an economic basis for controlling inbreeding and mating management.

Regarding the inherent vulnerability of autochthonous canine breeds to functional wear, hunting breeds [44] or those specialized in ratting, ingrained with a heritage of tracking and capturing prey, face challenges in adapting to the sedentary nature associated with domestic life. Evolved instincts for independent decision-making and swift, agile movements can be incongruent with the restricted environment of domestic life, leading to a decline in their original functionality [45]. Simultaneously, contemporary animal welfare [46] and activist movements [47], advocating against the professional use of dogs, particularly in hunting, contribute to evolving societal perceptions, influencing a decrease in emphasis on functional roles. This could lead to the promotion of negative selection against traits incompatible with maintaining these breeds in long-term domestic settings. Conversely, breeds designed for guarding or herding functions [48], endowed with a propensity for protective behaviors, may align with domestic life responsibilities. Their inherent traits of vigilance, loyalty, and care potentially facilitate a smoother transition, preserving a higher degree of their original functionality in a domestic environment. Recognizing the broader social discourse on animal welfare and moral considerations, these activist movements advocate for a critical reassessment of ethical implications [49] associated with employing dogs in specific work roles. The repercussions of the declining functionality of autochthonous canine breeds go beyond those affecting other breeds, as they exert profound social implications. The ability of these breeds to effectively compete with other international breeds [11] jeopardizes their continued utilization, precipitating the loss of the culturally intertwined heritage linked to their unique characteristics and historical significance. This paradigm shift not only impacts the utilitarian aspects of these breeds but also endangers the fabric of

traditions and cultural bonds intimately tied to their existence. Furthermore, the ramifications for the preservation of the genetic conservation of these breeds are of great concern [22]. Functional traits and genetic diversity, honed over generations to suit specific roles, are at risk during the transition to companion animals. This erosion of genetic diversity not only jeopardizes the health and adaptability of these breeds but also hinders efforts to safeguard the distinctive genetic attributes contributing to their individuality. Therefore, the preservation of the genetic legacy of autochthonous canine breeds is crucial for understanding the broader implications of their shift from intensive working animals to companions, highlighting the intricate convergence of cultural heritage [50], functionality, and genetic conservation [26] from a scientific perspective.

Referencias

1. Berón, M.A.; Prates, L.R.; Prevosti, F.J. Una Historia De Perros: Mitos Y Certezas Sobre Su Origen Y Dispersión En América. Universidad Nacional de La Plata: Buenos Aires, Argentina, 2015.
2. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. Real Decreto 558/2001, de 25 de Mayo, que regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura. «BOE» No. 142, 14, Spain, Junio, 2001, páginas 21156–21182.
3. Ministerio español de Agricultura, Pesca y Alimentación. Orden APA/807/2004, de 24 de marzo, Por el que se modifica el anexo del Real Decreto 558/2001, de 25 de mayo, Por la que se regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura. «BOE» No. 77 de 30 Marzo 2004, pp. 13430–13435.
4. Navas, F.J. I Curso Formación de Jueces Ca de Conills Menorca. 2022.
5. León Gaudó, E.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M. *Reglamentos y recomendaciones de cría canina en diferentes razas: ejemplos nacionales e internacionales*. 2021.L
6. Anguera Sansó, B. Razas Autòctones de les Illes Balears; Conselleria d'Agricultura i Pesca. Govern de les Illes Balears: Mallorca, Spain, 2003.
7. Marí, A.P. *Races autòctones de les Pitiüses*; Genial: Ibiza, Spain, 2003.
8. Alanzor Puente, J.M.; Pons Barro, Á.L.; de la Haba Giraldo, M.R.; Delgado Bermejo, J.V.; Navas González, F.J. Does functionality condition the population structure and genetic diversity of endangered dog breeds under island territorial isolation? *Animals* **2020**, *10*, 1893.
9. Gual Fournier, S. *El Ca de Bou. El mítico Perro de Presa Mallorquí*; Ed. Sergio Gual Fournier: Mallorca, Spain, 2010.
10. Puigserver i Gil de Sola, G. *Els animals domèstics de raça autòctona de Mallorca*. PRAM (Patronat de les Races Autòctones de Mallorca): Mallorca, Spain, 1998.
11. Payeras, LL.; Falconer, J. *El ca mè mallorquí*; Spain, 2004.
12. Sánchez Garrido, R. Actividad humana y naturaleza. La práctica cinegética y los usos del medio natural. El caso del parque natural de la Sierra del Carrascal de la Font Roja. University Of Murcia, Department Of Philosophy, Area Of Social Anthropology: Murcia, Spain, 2009.
13. Crabtree, P.J. A Note on the Role of Dogs in Anglo-Saxon Society: Evidence from East Anglia. *Int. J. Osteoarchaeol.* **2015**, *25*, 976–980.
14. Hart, L.A.; Yamamoto, M.; Serpell, J. Chapter 13. Dogs as helping partners and companions for humans. *The Domestic Dog*. Serpell, J. (Eds.) Cambridge University Press: Cambridge, UK, 2017, 247–270.
15. Solano-Gallego, L.; Llull, J.; Ramos, G.; Riera, C.; Arboix, M.; Alberola, J.; Ferrer, L. The Ibizian hound presents a predominantly cellular immune response against natural Leishmania infection. *Veterinary parasitology* **2000**, *90*, 37–45.
16. Miranda, A.P. *Psicología y aprendizaje del adiestramiento del perro*; Ediciones Díaz de Santos: 2010.
17. Marquez, V.; Wajner, M.; Zamudio, F. “El cabrero” guardián de las cabras en el Chaco árido. *Mundo de Antes* **2023**, *17*, 279–293.

18. Vázquez Muñoz, P.A. Evaluación del impacto del Programa de Desarrollo Rural 2007-2013 (PDR) sobre el sector agrario de las Islas Baleares. Agronomic Engineering Master Degree Final Project, Universitat De Les Illes Balears, Mallorca, Spain, **2018**.
19. Adrover, A.; Grimalt, M.; Binimelis, S. Implicaciones territoriales, sociales y ambientales de las sociedades de cazadores locales en Mallorca. *Análisis espacial y representación geográfica: innovación y aplicación*. Universidad de Zaragoza: Zaragoza, Spain, 2015, 1543-1552.
20. Cervantes, F.A.; Castañeda, M. Efecto genético del aislamiento geográfico de la liebre negra (*Lepus insularis*), endémica de Isla Espíritu Santo, Baja California Sur, México. *Therya* **2012**, 3, 151-171.
21. Mujica, F.; Obreque, V.; Hinrichsen, P.; Cothran, G. Recuperación, conservación y caracterización del caballo chilote. *Agro Sur* **2005**, 33, 58-67.
22. Alfranca, I.S. El concepto de raza: evolución y realidad. *Archivos de zootecnia* **2001**, 50, 547-564.
23. Valera Córdoba, M.M.; Vázquez González, I.; Fernández Martín, J. Programa de conservación ex situ. La conservación de la diversidad de razas autóctonas de Andalucía. Patrimonio ganadero andaluz. Vol III 2007.
24. Tibaduiza Castañeda, L.P.; Jiménez Sabogal, H.R.; Rugeles Barandica, L.A.; Cañar Serna, D.Y.; González Almario, C.; Azcárate Rodríguez, S.; Manrique Perdomo, C.; Grajales Lombana, H.A.; Lucero Casanova, C.E.; Telo da Gama, L. Recursos zoogenéticos: conservación, caracterización y gestión de su biodiversidad. 2021.
25. Pérez de Muniain Ortigosa, A. Actualidad en la gestión de las razas autóctonas en Navarra. *Naturzale. Cuadernos de Ciencias Naturales* **2004**, 49-61.
26. Sanz, I.G. Plan de desarrollo del programa nacional de conservación, mejora y fomento de las razas ganaderas. *Profesión veterinaria* **2009**, 16, 24-33.
27. Verde, A.; Fajardo, J.; Rivera, D.; Valdés, A.; Obón, C. Los recursos biológicos en la Manchuela: un Patrimonio Natural y Cultural a proteger. *Revista alaxarch, Revista de Estudios de la Manchuela* **2009**. vol. 4.
28. Barbosa Mireles, M.A.; López Islas, R.J. *Zootecnia de Perros y Gatos*. Universidad Autónoma del Estado de México, México, 2013.
29. Parker, H.G.; Kim, L.V.; Sutter, N.B.; Carlson, S.; Lorentzen, T.D.; Malek, T.B.; Johnson, G.S.; DeFrance, H.B.; Ostrander, E.A.; Kruglyak, L. Genetic structure of the purebred domestic dog. *science* **2004**, 304, 1160-1164.
30. Aguilera, L.; Canales, A.; Pons, A.; Delgado, J.; Martínez, A. Caracterización genética del Ca Rater Mallorquí con microsatélites. *Archivos de zootecnia* **2022**, 71, 270-276.
31. Martínez, A.; Vega, J.L.; Delgado, J.V. Caracterización genética de razas de caza: casos aplicados a Mallorca. *Recerca i gestió dins l'àmbit cinegètic. Mon. Soc. Hist. Nat. Balears* **2019**, 28, 115-117.
32. Davies, N.; Villablanca, F.X.; Roderick, G.K. Determining the source of individuals: multilocus genotyping in nonequilibrium population genetics. *Trends in ecology & evolution* 1999, 14, 17-21.
33. González, E.G. Microsatélites: sus aplicaciones en la conservación de la biodiversidad. *Graellsia* **2003**, 59, 377-388.
34. Piqueras, J.F. Polimorfismos en el ADN humano. In *Proceedings of the Análisis y metodologías en diagnóstico y terapia génica: I reunión científica en biología celular y molecular*, La Coruña, 1993; pp. 9-25.
35. Levene, H. On a matching problem arising in genetics. *The annals of mathematical statistics* **1949**, 91-94.
36. Raymond, M. Population genetics software for exact test and ecumenicism. *ŷ Heredity* **1995**, 86, 248-249.

37. Serrote, C.M.L.; Reiniger, L.R.S.; Silva, K.B.; dos Santos Rabaiolli, S.M.; Stefanel, C.M. Determining the Polymorphism Information Content of a molecular marker. *Gene* **2020**, *726*, 144175.
38. García, L.S.A.; Vergara, A.M.C.; Herrera, P.Z.; Puente, J.M.A.; Barro, Á.L.P.; Dunner, S.; Marques, C.S.J.; Bermejo, J.V.D.; Martínez, A.M. Genetic Structure of the Ca Rater Mallorquí Dog Breed Inferred by Microsatellite Markers. *Animals* **2022**, *12*, 2733.
39. Mastrangelo, S.; Biscarini, F.; Auzino, B.; Ragatzu, M.; Spaterna, A.; Ciampolini, R. Genome-wide diversity and runs of homozygosity in the “Braque Français, type Pyrénées” dog breed. *BMC Res. Notes* **2018**, *11*, 13, doi:10.1186/s13104-017-3112-9.
40. Pedersen, N.; Liu, H.; Theilen, G.; Sacks, B. The effects of dog breed development on genetic diversity and the relative influences of performance and conformation breeding. *J. Anim. Breed. Genet.* **2013**, *130*, 236–248.
41. Scott, J.P. The effects of selection and domestication upon the behavior of the dog. *J. Natl. Cancer Inst.* **1954**, *15*, 739–758.
42. Lukanova, N.; Vlaeva, R.; Hristova, D.; Georgieva, S.; Barzev, G. Study on the genetic diversity of trotter horses populations in Bulgaria. *Agrar. Nauk.* **2015**, *7*, 159–165.
43. Sabbagh, M.; Danvy, S.; Ricard, A.; Blouin, C. Tools to Better Manage the Genetic Diversity of Draft Breeds. In Proceedings of the 38ème Journée de la Recherche Équine, Actes de Colloque, Paris, France, 1 March 2012; pp. 169–172.
44. Kim, J.; Williams, F.J.; Dreger, D.L.; Plassais, J.; Davis, B.W.; Parker, H.G.; Ostrander, E.A. Genetic selection of athletic success in sport-hunting dogs. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **2018**, *115*, E7212–E7221.
45. Korta Sukia, G.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M.T. Caracterización y situación actual del Perro Pastor Vasco.
46. Gaudioso Lacasa, V. Explotación y bienestar animal: de los "derechos" a las "libertades". **2014**.
47. Blasco, A.; Mateu, A.B. *Ética y bienestar animal*; Ediciones Akal: 2011.
48. Jakovcevic, A.; Bentosela, M. Rasgos del temperamento de los perros domésticos (*Canis familiaris*): evaluaciones conductuales. *Revista Colombiana de Psicología* **2009**, *18*, 77–92.
49. Rey Pérez, J.L. Los derechos de los animales en serio. *Los derechos de los animales en serio* **2018**, 1–236.
50. Ramos Font, M.E.; Castillo Ruiz, J. Patrimonio genético agrario: reconocimiento y conservación. **2015**.

OBJETIVOS/OBJECTIVES

Objetivos

El objetivo principal de la presente tesis doctoral es la evaluación del estado de conservación de las poblaciones caninas autóctonas en las Islas Baleares y sus estructuras de protección. Algunas de estas razas están experimentando la pérdida de sus roles tradicionales, siendo relegadas a desempeñar funciones más orientadas hacia el papel de mascotas. Los resultados obtenidos de esta investigación ofrecen una revisión exhaustiva de las metodologías disponibles para la caracterización de la especie canina y contribuyen a la definición de criterios fundamentales para establecer programas de cría que faciliten la gestión efectiva de estas poblaciones, a través del análisis pormenorizado de las estructuras de protección que se encargan de su salvaguardia y conservación.

Para alcanzar este objetivo general, se han abordado los siguientes objetivos específicos:

1. El análisis de las estructuras de protección en la conservación de la funcionalidad de las razas caninas de baleares, con un énfasis particular en el papel de los tiempos en el desarrollo de las estructuras de protección, explorando la cronología de las diversas etapas en la evolución de las razas y la evolución de los censos en los libros genealógicos. Este objetivo específico se ha abordado en el capítulo 1,

Estudio 1. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. (2024) Data Mining as a Tool for Balearic Islands Endangered Dog Breed Conservation: Analyzing Censuses and Time Gaps between Creation and Recognition of Protection Structures. Presentado a la Revista *Biology*.

Estudio 2. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas, Inés Concepción Felipe, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. (2024) Untangling temporal threads: evaluating correlations in autochthonous dog breed associations timelines in the balearic islands. Revista: *Archivos de Zootecnia*. Volumen: 73, Numero: 281.

2. Análisis de las dinámicas que afectan a la preservación del patrimonio biológico y cultural, centrándose en las razas de perros en peligro de extinción de baleares. Se presta especial atención al papel de las asociaciones de criadores y propietarios, explorando su contribución a la conservación y gestión efectiva de las razas de perros, además de las interconexiones dentro de los registros del libro genealógico, así como las conexiones entre estos registros, y los censos de criadores y propietarios. Este objetivo específico se ha abordado en el capítulo 2,

Estudio 3. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. (2024) The Crucial Role of Breeder and Dog Owner Associations in Safeguarding Genetic Heritage of Endangered Balearic Dog Breeds: Gender Preference and Registry Adscription. Presentado a la Revista *Animals*.

Estudio 4. Jose Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas, Inés Concepción Felipe, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. (2023) An In-Depth Analysis of Interconnections Amongst Studbook Registries in Balearic Islands Dog Breeds. Revista: *Archivos de Zootecnia*. Volumen: 72, Numero: 280.

3. Evaluar la importancia de establecer un estándar de raza como una estructura de protección y herramienta fundamental para la conservación de razas caninas en peligro de extinción. Se han abordado tanto rasgos morfológicos o fanerópticos como las capacidades funcionales de cada raza. Este enfoque integral permite la selección de elementos que contribuyen significativamente al tejido de la identidad de la raza, promoviendo así su reconocimiento y conservación. Este objetivo específico se ha abordado en el capítulo 3, que incluye:

Estudio 5. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. (2024) Preserving Balearic Native Dog Breeds: Evaluation and Importance of Developing Breed Standards for breed Differentiation. Presentado a la Revista *Veterinary Sciences*.

Estudio 6. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas, Carlos Iglesias Pastrana, Inés Concepción Felipe, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. (2023) **Precision Canine Phenomics: Leveraging Statistical Rigor with Spearman's Rank rho Correlations and Procrustes Residuals for Breed Standard Elements Selection.** Revista: *Archivos de Zootecnia*. Volumen: 72, Numero: 280.

4. Caracterización genética exhaustiva mediante la utilización de marcadores de microsatélites, recomendados por la Sociedad Internacional de Genética Animal. Se ha evaluado la diversidad genética dentro de cada población canina de las Islas Baleares y explorado sus relaciones genéticas con las otras razas caninas de baleares. Se ha investigado la aplicabilidad de la asignación a la raza basada en microsatélites como herramienta en los desafíos genealógicos. Se ha evaluado la eficacia del panel de marcadores, examinando su capacidad para discernir variaciones genéticas y diferenciar las razas caninas dentro de las Islas Baleares. Este objetivo específico se ha abordado en el capítulo 4, que incluye:

Estudio 7. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. (2024) **Integrated Discriminant Evaluation of Molecular Genetic Markers and Genetic Diversity Parameters of Endangered Balearic Dog Breeds.** Presentado a la Revista *Molecular Sciences*.

Estudio 8. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Inés Concepción Felipe; Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. (2023) **Breeds Molecular Differentiation: Fine-Tuning of Microsatellite Marker Panels for Accurate Genetic Distinction in Autochthonous Balearic Dog Breeds.** Revista: *Archivos de Zootecnia*. Volumen: 72, Numero: 280.

5. Evaluación de las sinergias entre los estudios clave que han analizado la diversidad genética de las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares. Se ha explorado la complementariedad entre estudios de pedigrí, con una valoración rigurosa de la integridad de los registros genealógicos, y aquellos que investigan la variabilidad genética de las

poblaciones por medio de herramientas asistidas por marcadores moleculares. Este objetivo específico se ha abordado en el capítulo 5, que incluye:

Estudio 9. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. (2024) Enhancing Genetic Diversity Assessment in Endangered Autochthonous Dog Breeds of the Balearic Islands: A Synergy of Pedigree and Molecular-Based Studies. Presentado a la Revista *Animals*.

Estudio 10. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Manuel Rafael de la Haba Giraldo, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González (2020) Does Functionality Condition the Population Structure and Genetic Diversity of Endangered Dog Breeds under Island Territorial Isolation? Revista: *Animals*, Volumen: 10, Numero: 1893.

6. El análisis del riesgo del declive funcional en las poblaciones caninas autóctonas de baleares. De manera comparada se han examinado las razas en función de sus usos tradicionales de caza, guarda y pastoreo, así como se ha evaluado la pérdida de dicha funcionalidad en la transición de estas razas a roles más orientados al ambiente doméstico o de compañía. Este objetivo específico se ha abordado en el capítulo 6, que incluye:

Estudio 11. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas, Inés Concepción Felipe, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. (2024) From Working Dogs to Companion Pets: Unveiling the Elevated Risk of Autochthonous Dog Breeds Transitioning to Pets, with a Focus on Hunting/Ratting vs. Guarding/Shepherding Roles. Revista: *Archivos de Zootecnia*. Volumen: 73, Numero: 281.

Objectives

The main objective of this doctoral thesis is the evaluation of the conservation status of native dog populations in the Balearic Islands and their protection structures. Some of these breeds are experiencing the loss of their traditional roles, being relegated to more pet-oriented functions. The results obtained from this research offer an exhaustive review of the methodologies available for the characterization of the canine species and contribute to the definition of fundamental criteria for establishing breeding programs that facilitate the effective management of these populations, through the detailed analysis of the protection structures that are responsible for their safeguarding and conservation.

To achieve this general objective, the following specific objectives were addressed:

1. The analysis of protection structures in the conservation of the functionality of Balearic dog breeds, with a particular emphasis on the role of time in the development of protection structures, exploring the chronology of the various stages in the evolution of the breeds and the evolution of the censuses in the stud books. This specific objective has been addressed in chapter 1,

Study 1. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. (2024) Data Mining as a Tool for Balearic Islands Endangered Dog Breed Conservation: Analyzing Censuses and Time Gaps between Creation and Recognition of Protection Structures. Submitted to the Journal *Biology*.

Study 2. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas, Inés Concepción Felipe, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. (2024) Untangling temporal threads: evaluating correlations in autochthonous dog breed associations timelines in the balearic islands. Journal: *Archivos de Zootecnia*. Volume: 73, Number: 281.

2. Analysis of the dynamics affecting the preservation of biological and cultural heritage, focusing on endangered dog breeds in the Balearic Islands. Special attention is

paid to the role of breeders' and owners' associations, exploring their contribution to the conservation and effective management of dog breeds, as well as the interconnections within the studbook registers, as well as the connections between these registers, and the breeders' and owners' censuses. This specific objective has been addressed in chapter 2,

Study 3. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. (2024) The Crucial Role of Breeder and Dog Owner Associations in Safeguarding Genetic Heritage of Endangered Balearic Dog Breeds: Gender Preference and Registry Adscription. Submitted to the Journal *Animals*.

Study 4. Jose Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas, Inés Concepción Felipe, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. (2023) An In-Depth Analysis of Interconnections Amongst Studbook Registries in Balearic Islands Dog Breeds. Journal: *Archivos de Zootecnia*. Volume: 72, Number: 280.

3. To evaluate the importance of establishing a breed standard as a protective structure and a fundamental tool for the conservation of endangered dog breeds. Both morphological or phenotypic traits and functional capabilities of each breed have been addressed. This integrated approach allows the selection of elements that contribute significantly to the fabric of the breed's identity, thus promoting its recognition and conservation. This specific objective has been addressed in chapter 3, which includes:

Study 5. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. (2024) Preserving Balearic Native Dog Breeds: Evaluation and Importance of Developing Breed Standards for breed Differentiation. Submitted to the Journal *Veterinary Sciences*.

Study 6. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas, Carlos Iglesias Pastrana, Inés Concepción Felipe, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. (2023) Precision Canine Phenomics: Leveraging Statistical Rigor with Spearman's Rank rho Correlations and Procrustes Residuals for Breed Standard Elements Selection. Journal: *Archivos de Zootecnia*. Volume: 72, Number: 280.

4. Exhaustive genetic characterisation using microsatellite markers, recommended by the International Society of Animal Genetics. The genetic diversity within each canine population of the Balearic Islands has been evaluated and their genetic relationships with other Balearic canine breeds have been explored. The applicability of microsatellite-based breed assignment as a tool in genealogical challenges has been investigated. The efficacy of the marker panel has been evaluated, examining its ability to discern genetic variation and differentiate dog breeds within the Balearic Islands. This specific objective has been addressed in chapter 4, which includes:

Study 7. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. (2024) Integrated Discriminant Evaluation of Molecular Genetic Markers and Genetic Diversity Parameters of Endangered Balearic Dog Breeds. Submitted to the Journal *Molecular Sciences*.

Study 8. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Inés Concepción Felipe; Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. (2023) Breeds Molecular Differentiation: Fine-Tuning of Microsatellite Marker Panels for Accurate Genetic Distinction in Autochthonous Balearic Dog Breeds. Journal: *Archivos de Zootecnia*. Volume: 72, Number: 280.

5. Evaluation of the synergies between key studies that have analysed the genetic diversity of the native dog breeds of the Balearic Islands. The complementarity between pedigree studies, with a rigorous assessment of the integrity of the pedigree records, and those investigating the genetic variability of the populations by means of molecular marker-assisted tools has been explored. This specific objective has been addressed in chapter 5, which includes:

Study 9. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. (2024) Enhancing Genetic Diversity Assessment in

Endangered Autochthonous Dog Breeds of the Balearic Islands: A Synergy of Pedigree and Molecular-Based Studies. Submitted to the Journal *Animals*.

Study 10. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Manuel Rafael de la Haba Giraldo, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González (2020) Does Functionality Condition the Population Structure and Genetic Diversity of Endangered Dog Breeds under Island Territorial Isolation? Journal: *Animals*, Volume: 10, Number: 1893.

6. Analysis of the risk of functional decline in native Balearic canine populations. In a comparative manner, the breeds have been examined in terms of their traditional hunting, guarding and herding uses, and the loss of this functionality in the transition of these breeds to roles more oriented towards the domestic or companion environment has been evaluated. This specific objective has been addressed in chapter 6, which includes:

Study 11. José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas, Inés Concepción Felipe, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. (2024) From Working Dogs to Companion Pets: Unveiling the Elevated Risk of Autochthonous Dog Breeds Transitioning to Pets, with a Focus on Hunting/Ratting vs. Guarding/Shepherding Roles. Journal: *Archivos de Zootecnia*. Volume: 73, Number: 281.

CAPÍTULO 1. ANÁLISIS DE CENSOS Y TEMPORALIDAD DE LAS ESTRUCTURAS DE PROTECCIÓN DE LAS RAZAS CANINAS DE BALEARES

1.1 La minería de datos como herramienta para la conservación de razas caninas en peligro de extinción en las Islas Baleares: Análisis de censos y lagunas temporales entre la creación y el reconocimiento de estructuras de protección

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza ², Juan Vicente Delgado Bermejo ³ y Francisco Javier Navas González ^{3*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural Govern Illes Balears, 07009 Palma, España.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, España.

³ Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.

Información sobre el indicador de calidad de la publicación

***Información más reciente disponible (2022)**

Estado del manuscrito: Enviado

Revista (año, volumen, páginas): Biology

Base de datos internacional en la que está indexada: Journal of Citation Reports (JCR)

Área temática en la base de datos de referencia: Biología

Índice de impacto de la revista en el año de publicación del artículo: 4.2

Clasificación/número de revistas en el área temática: 25/111 (Q1)

Resumen

Este estudio pretende aportar pruebas de la aplicabilidad del Análisis Canónico Discriminante (CDA) y los árboles de decisión CHAID para investigar la dinámica temporal y la evolución censal de las razas caninas en peligro de extinción en las Islas Baleares, con un énfasis específico en las asociaciones de criadores. El CDA es fundamental para identificar problemas de multicolinealidad, asegurando análisis fiables mediante la exclusión sistemática de variables con potenciales problemas de colinealidad. Una función discriminante singular capturó $\approx 100\%$ de variabilidad, lo que indica la eficacia del modelo para distinguir entre razas. Factores como el número total de animales presentes en los registros de razas conforman los patrones de discriminación. El rápido reconocimiento de una asociación actúa como catalizador y acelera los esfuerzos de preservación. Las iniciativas tempranas, como la recopilación oportuna de registros y la formulación de estándares raciales, aceleran significativamente el reconocimiento oficial, lo que pone de relieve el papel crucial de las medidas proactivas en la conservación de las razas en peligro. El estudio subraya el mantenimiento de los usos tradicionales, especialmente la caza, para la preservación de las razas. Las razas de pastoreo o guarda muestran una mayor susceptibilidad al declive, lo que hace necesaria una conservación específica. El censo de las razas caninas baleares, centrado especialmente en las hembras del registro fundacional, se revela crucial para su conservación a largo plazo. Esta investigación, con múltiples perspectivas, sirve de valiosa guía para criadores, asociaciones y responsables políticos, ofreciendo estrategias de conservación eficaces para preservar la biodiversidad y el patrimonio cultural asociado a las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares.

Palabras claves

Discrepancia Temporal; Estrategias de Conservación; Patrimonio Canino Autóctono; Esfuerzos de Preservación; Roles Caninos Tradicionales

Introducción

Durante milenios, humanos y perros han forjado un vínculo único, entrelazando sus destinos. Las razas caninas autóctonas de diversas regiones del mundo son el legado de siglos de coevolución entre humanos y perros [1] y se han convertido en encarnación viva de la cultura, la tradición y la utilidad. Estas razas, moldeadas por los entornos locales y las necesidades humanas, han sido apreciadas durante mucho tiempo por su lealtad, versatilidad y rasgos distintivos. Sin embargo, con la invasión de la globalización y la modernización se ha puesto en peligro muchas de estas razas autóctonas, exponiéndolas a la extinción y a la dilución de su patrimonio genético.

En las Islas Baleares se reconocen oficialmente cinco razas caninas: el Ca de Bestiar (CB), el Ca de Bou (CBOU), el Podenco Ibicenco (PI), el Ca Rater mallorquín (CR) y el Ca Mè (CM), junto con una agrupación racial, el Ca de Conills de Menorca (CC). Las primeras referencias para el CB fueron descritas en 1869 por el Archiduque Luis Salvador de Austria en su libro "Die Balearen in wort und bild geschildert" [2], según Puigserver i Gil de Sola [3]. La primera referencia del CBOU, nombrándolo por su nombre según Gual Fournier [4], la hizo también el Archiduque Luis Salvador de Austria en el mismo libro. El PI fue referenciado por el Conde de Lérida en 1930, según Marí [5]. El CR fue descrito por el Archiduque Luis Salvador de Austria [2], según Payeras et al. [6]. El CM fue documentada en el "Libro de Mostassaf" el 9 de agosto de 1392, según Payeras [7]. El CC, según Puigserver i Gil de Sola [3] refiriéndose al PI que era conocido en Menorca como ca de conills con posible origen común, según lo menciona Navas [8].

Estas razas fueron seleccionadas y criadas originalmente para fines específicos: el CB para vigilar el ganado autóctono y como guardián de la casa de los visitantes no deseado según Anguera [9], el CBOU como perro de presa [9], el PI para la caza [5], el CR para la captura de ratas [10], el CM para un método de caza único [9] y el CC para la caza del conejo [9]. Como las funciones de las razas estaban estrechamente ligadas al terreno, se adaptaron a sus respectivos entornos.

Desde la década de 1960, con la afluencia del turismo, el auge del comercio y la globalización, las razas caninas autóctonas de Baleares se han enfrentado al reto del cruce con

razas extranjeras. El CB, por ejemplo, se ha cruzado con pastores alemanes, dóberman, mastines y Gran danés [3]. El CM ha sufrido cruces similares con otras razas [7]. Estos cruces suponen un riesgo importante para la pureza de las razas caninas de baleares [6].

Para afrontar estos retos, el reconocimiento oficial de las razas caninas autóctonas, el desarrollo de libros genealógicos y la creación de asociaciones de criadores son pilares fundamentales en los esfuerzos de conservación. Estos componentes, cuando se integran cuidadosamente, prometen no sólo preservar la diversidad genética de las razas caninas autóctonas, sino también salvaguardar su significado histórico, cultural y funcional.

En las Islas Baleares, el reconocimiento oficial de las asociaciones de razas caninas a nivel nacional se llevó a cabo por el Ministerio de Agricultura y Alimentación [11] para CB, CBOU, y PI, y en 2004 [12] para CR y CM a propuesta de la comunidad autónoma. La asociación que trabaja con la agrupación racial CC se registró en 2010 en la comunidad autónoma. Tras el reconocimiento oficial, se establecieron libros genealógicos que regulan su funcionamiento para CB y CBOU en 2001, CR y CM en 2002, y PI en 2007. Cada asociación es responsable del mantenimiento del libro genealógico y de los registros de individuos. La integridad de los pedigríes varía según las razas, dependiendo de su funcionalidad [13].

A medida que nos adentramos en el polifacético mundo de las razas caninas autóctonas y su conservación, se hace evidente que es mucho lo que está en juego. La diversidad de estas razas, que abarcan una amplia gama de apariencias, temperamentos y habilidades, es un testimonio de la adaptabilidad y resistencia del perro doméstico. Paradójicamente, muchas de estas razas corren el riesgo de desaparecer debido a factores interrelacionados, como el auge de razas estandarizadas y populares en todo el mundo, la urbanización, los cambios en las prácticas agrícolas y las presiones económicas.

En las Islas Baleares, la necesidad de perros funcionales para tareas específicas (caza, pastoreo, guarda, defensa, presa) ha disminuido, sobre todo a medida que el sector primario y los cazadores, que pueden demandar este tipo de perros, se convierten en grupos cada vez más minoritarios [14,15]. El motor económico, especialmente el turismo, no requiere estos roles funcionales. El cambio en el papel de las razas autóctonas de animales de trabajo a

animales de compañía o mascotas queda ejemplificado por la transformación del CR de raza de caza y guarda a mascota [10]. Este cambio, junto con el cruce con razas extranjeras, supone el mayor peligro para la pérdida de identidad de las razas baleares.

En este contexto, el reconocimiento oficial de las razas caninas autóctonas es un primer paso crucial para su conservación. Al reconocer la importancia histórica y cultural de estas razas, los gobiernos, los clubes caninos y las organizaciones de razas proporcionan un marco legal y moral para su conservación. El reconocimiento oficial saca a estas razas de la sombra, atrayendo el interés, la financiación y el apoyo de los sectores público y privado. Valida las funciones de estas razas en sus respectivas regiones y fomenta la continuidad de estas funciones en un mundo cambiante. El reconocimiento oficial también eleva a las razas caninas autóctonas del ámbito de lo "vernáculo" o "no oficial" a la esfera de los perros con pedigrí, permitiendo su participación en exposiciones, concursos y programas de cría colaborativos.

Baleares, según Navas [8], representa el 20% del patrimonio español de razas caninas, seis de 31, con el CC no reconocida oficialmente a nivel nacional pero reconocida como agrupación racial desde 2007 a nivel autonómico [16]. Se están realizando esfuerzos para catalogar el CC, incluyendo visitas a criadores y propietarios, creación de censos, estudios morfológicos para establecer un patrón racial y estudios de caracterización molecular para filiación y asignación de razas.

El reconocimiento oficial de las razas caninas autóctonas sienta las bases para su conservación, al reconocer su importancia histórica y cultural. Proporciona un marco legal y moral que atrae apoyos, garantizando la relevancia y el valor de las razas autóctonas en la sociedad contemporánea.

Este estudio tiene como objetivo contribuir con evidencia empírica que respalde la efectividad del Análisis Discriminante Canónico (CDA, por sus siglas en inglés) y los árboles de decisión CHAID en la exploración de las dinámicas temporales y la evolución demográfica de razas de perros en peligro de extinción en las Islas Baleares. Se presta especial atención a comprender las intrincadas relaciones entre estas razas y el papel influyente desempeñado por las asociaciones de criadores en la configuración de sus trayectorias.

Al emplear el Análisis Discriminante Canónico, la investigación busca identificar funciones discriminantes clave que puedan elucidar los patrones temporales distintivos observados en la dinámica poblacional de razas de perros en peligro de extinción. Este enfoque analítico permite una comprensión más profunda de los factores que contribuyen a los cambios en la demografía de las razas a lo largo del tiempo.

Además, el uso de árboles de decisión CHAID mejora la investigación al proporcionar un marco estructurado e interpretable para analizar la evolución del censo de estas razas. La metodología de árboles de decisión facilita la identificación de puntos de decisión críticos y asociaciones subyacentes dentro del conjunto de datos, ofreciendo valiosas ideas sobre la compleja interacción de factores que influyen en el estado en peligro de extinción de las razas de perros en la región.

El estudio pone un énfasis específico en el papel fundamental de las asociaciones de criadores en influir en las dinámicas temporales y las tendencias del censo. Al examinar las interacciones entre las asociaciones de criadores y los cambios demográficos observados en las razas de perros en peligro de extinción, la investigación tiene como objetivo arrojar luz sobre los mecanismos a través de los cuales estas organizaciones contribuyen a la conservación o al posible declive de estas razas.

En resumen, esta investigación se esfuerza por investigar de manera integral las dinámicas temporales y la evolución del censo de razas de perros en peligro de extinción en las Islas Baleares. A través de la aplicación del Análisis Discriminante Canónico y los árboles de decisión CHAID, junto con un enfoque específico en las asociaciones de criadores, el estudio busca proporcionar conocimientos valiosos que puedan informar sobre los esfuerzos de conservación y las prácticas de manejo sostenible para estas vulnerables poblaciones caninas.

Materiales y Métodos

Muestra: Información sobre la raza

Ca de Bestiar (CB)

La CB es una raza canina española reconocida oficialmente desde 2001 por el Ministerio de Agricultura [11] y por la Consejería de Agricultura del Gobierno Balear en 2002. Según la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO), está clasificada como raza autóctona local con un nivel de riesgo desconocido. Antes de ser reconocida como raza, la asociación que gestiona el libro genealógico se constituyó como "Club de Ca de Bestiar" en 1978. Su primer estándar de raza se publicó en 1980 por la Real Sociedad Central de Fomento de las Razas Caninas de España, y el estándar oficial actual fue publicado el 14/06/2001 por el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. El libro genealógico fue aprobado el 14/06/2001. El censo registrado en el Libro Genealógico oficial del CB a 13/10/2023 era de 507 animales (260 hembras y 247 machos), con 20 criadores y 317 propietarios. En cuanto a su funcionalidad, Anguera Sansó [9] lo describe como un perro de pastoreo, particularmente conocido por guardar animales, especialmente ovejas.

Ca de Bou (CBOU)

El CBOU es una raza canina española reconocida oficialmente desde 2001 por el Ministerio de Agricultura [11] y por la Consejería de Agricultura del Gobierno Balear en 2002. La FAO la clasifica como raza autóctona local con un nivel de riesgo desconocido. Antes de su reconocimiento, la asociación que gestiona el libro genealógico se constituyó como "Club espanyol del Ca de Bou" en 1992. Su primer estándar de raza se publicó en 1932 por la Real Sociedad Central de Fomento de las Razas Caninas de España, y el estándar oficial actual fue publicado el 18/02/2017 por el Govern Balear [17]. El libro genealógico fue aprobado el 14/06/2001. El censo registrado en el Libro Genealógico oficial del CBOU a fecha 26/06/2020 era de 243 animales (129 hembras y 114 machos), con 43 criadores y 91 propietarios. En cuanto a su funcionalidad, Gual Fournier [4] explica su uso histórico en diversas funciones, entre ellas como perro de presa, para la caza y en peleas de perros. El CBOU ha experimentado un resurgimiento como guardián y, sorprendentemente, como animal de compañía [9].

Podenco Ibicenco (PI)

El PI es una raza canina española reconocida oficialmente desde 2001 por el Ministerio de Agricultura [11] y por la Consejería de Agricultura del Gobierno Balear en 2005. La FAO la clasifica como raza autóctona local con un nivel de riesgo desconocido. Antes de su reconocimiento, la asociación que gestiona el libro genealógico se constituyó como "Associació de Criadors del Ca Eivissenc d' Eivissa i Formentera" en 1982. Su primer estándar de raza se publicó en 1930 por la Real Sociedad Central de Fomento de las Razas Caninas de España, y el estándar oficial actual fue publicado el 14/06/2001 por el Ministerio de Agricultura. El libro genealógico fue aprobado el 18/01/2007. El censo registrado en el Libro Genealógico oficial del PI a 28/05/2020 era de 1037 animales (901 hembras y 136 machos), con 91 propietarios. En cuanto a su funcionalidad, Anguera Sansó [9] describe la PI como un símbolo de la caza tradicional del conejo sin armas de fuego.

Ca Rater (CR)

La CR es una raza canina española reconocida oficialmente desde 2004 por el Ministerio de Agricultura [12] y por la Consejería de Agricultura del Gobierno Balear en 2002. [18] La FAO la clasifica como raza autóctona local con un nivel de riesgo desconocido. Antes de su reconocimiento, la asociación que gestiona el libro genealógico se constituyó como "Club espanyol del ca rater mallorquí" en 1990. Su primer estándar oficial de raza se publicó en 2002 por la Conselleria de Agricultura y Pesca del Govern Balear, y el estándar oficial actual fue publicado el 30/04/2004 por el Ministerio de Agricultura. El libro genealógico fue aprobado el 18/12/2002. El censo registrado en el Libro Genealógico oficial del CR a fecha 08/03/2023 era de 2119 animales (1114 hembras y 1005 machos), con 20 criadores y 317 propietarios. En cuanto a su funcionalidad, Anguera Sansó [9] describe al CR como un gran guardián de la casa, hábil en la caza de ratas y conejos, y un excelente animal de compañía

Ca Mè (CM)

El CM es una raza canina española reconocida oficialmente desde 2004 por el Ministerio de Agricultura [12] y por la Consejería de Agricultura del Gobierno Balear en 2002 [18]. La FAO la clasifica como raza autóctona local con un nivel de riesgo desconocido. Antes del reconocimiento, la asociación que gestiona el libro genealógico se constituyó como "Club del ca mè mallorquí d'Espanya" en 1996. Su primer estándar oficial de raza se publicó en 2002 por la Conselleria de Agricultura y Pesca del Govern Balear, y el estándar oficial actual fue publicado el 30/04/2004 por el Ministerio de Agricultura. El libro genealógico fue aprobado el 18/12/2002. El censo registrado en el Libro Genealógico oficial del CM a fecha 21/02/2018 era de 654 animales (356 hembras y 298 machos), con 60 criadores y 359 propietarios. En cuanto a su funcionalidad, Anguera Sansó [9] destaca su fortaleza en la caza, especialmente su capacidad para cazar conejos en terrenos no llanos y densos.

Ca de Conills (CC)

El CC es una agrupación racial canina reconocida oficialmente en las Islas Baleares desde 2007 por la Consejería de Agricultura [16]. No está clasificado como raza por el Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación, por lo que no aparece en el DAD-IS de la FAO. La asociación que gestiona esta agrupación racial se constituyó como "Associació de criadors i coservadors de ca de conills de Menorca" en 2010. No dispone de un estándar oficial ni de un libro genealógico homologado. El censo de CC a fecha 16/10/2023 es de 316 animales (220 hembras y 96 machos), con 38 criadores y 44 propietarios. Desde 2019 se han realizado esfuerzos para categorizar a este grupo racial como raza, incluyendo caracterización genética, entrenamiento de jueces, visitas de criadores y evaluaciones de funcionalidad.

En cuanto a su funcionalidad, Navas [19] describe que el CC tiene una actitud cazadora basada en el olfato, el oído y la vista. Sobresale en la caza de conejos en grupo, mostrando un ladrido distintivo cuando localiza un rastro. El CC es un animal robusto que se adapta a diversos terrenos.

Análisis estadístico

Análisis discriminante canónico (CDA)

Metodología CDA

El Análisis Canónico Discriminante (CDA) es una potente herramienta estadística para la clasificación de razas. Este análisis exhaustivo se llevó a cabo para crear una herramienta de clasificación robusta capaz de discernir patrones intrincados dentro de las razas y entre ellas, basándose en la información disponible sobre las mismas y sus asociaciones. La tabla 1 recoge las distintas variables consideradas en el presente CDA como explicativas (variables independientes). Estas variables fueron elegidas dado que permiten caracterizar la línea de tiempo descrita por las asociaciones de razas desde sus orígenes hasta su reconocimiento a nivel nacional, y de la evolución de los censos en las razas protegidas. Se consideró la relación lineal entre las combinaciones de las variables mencionadas para determinar los patrones de agrupamiento considerando la raza como variable dependiente (patrón de agrupamiento). Para realizar el análisis discriminante canónico se utilizó la rutina discriminante del paquete Classify del programa informático SPSS versión 26.0 y la rutina de análisis discriminante canónico del paquete Analyzing Data del programa informático XLSTAT (Addinsoft Pearson Edition 2014, Addinsoft, París, Francia).

Trazado de relaciones canónicas

El paso inicial consistió en la visualización de relaciones canónicas para proporcionar una representación espacial de las diferencias entre grupos. Aprovechando los algoritmos de regresión logística multimodal regularizada por pasos hacia delante, se llevó a cabo la selección de variables, teniendo en cuenta las probabilidades previas basadas en el tamaño de los grupos. Este meticuloso enfoque tenía por objeto optimizar la eficacia de los análisis discriminantes posteriores.

Consideración del tamaño de la muestra

Un aspecto crítico del estudio fue la observancia de prácticas sólidas en cuanto al tamaño de la muestra. Mantener una proporción de 4 a 5 veces mayor entre observaciones y variables independientes garantizó la potencia estadística, un elemento crucial para lograr resultados significativos y fiables. Este planteamiento siguió las recomendaciones de las prácticas de investigación establecidas, que hacían hincapié en la importancia del tamaño de la muestra para mantener el rigor analítico.

Análisis de multicolinealidad

Para garantizar la integridad de los análisis, se realizó un examen en profundidad de la multicolinealidad. Se emplearon el factor de inflación de la varianza (VIF) y la tolerancia para medir las relaciones lineales entre los predictores. Se utilizó un umbral VIF de 5 para identificar y mitigar posibles problemas de multicolinealidad.

Dimensión de correlación canónica

La exploración de las correlaciones canónicas permitió comprender mejor las relaciones entre conjuntos de variables. Se hizo hincapié en los valores de correlación canónica superiores a 0,30, que indican una proporción sustancial de varianza explicada en el conjunto de datos.

Eficacia del análisis discriminante

La eficacia del análisis discriminante se midió mediante la prueba lambda de Wilks, que evalúa la significación de las variables en la función discriminante. La prueba χ^2 examinó la significación de la lambda de Wilks, proporcionando información crucial sobre la adscripción de grupos bien explicada.

Coeficientes canónicos e interpretación de la carga

Los coeficientes canónicos desempeñaron un papel fundamental en la interpretación de las variables discriminantes. Se identificaron variables con una carga discriminante sustancial ($\geq |0,40|$), que contribuían significativamente a la clasificación. La técnica del procedimiento escalonado garantizó la exclusión de las variables no significativas.

Fiabilidad de la función discriminante: Validación y validación cruzada

La fase de validación cruzada consistió en un análisis "dejar uno fuera" para determinar la probabilidad de clasificación correcta de las razas. La evaluación utilizó el estadístico Q de Press's, comparando la tasa de clasificación con un valor χ^2 crítico. Esta rigurosa evaluación proporcionó información sobre la generalización y fiabilidad de las funciones discriminantes. Tras la construcción del árbol de decisión, el estudio pasó a la validación cruzada para validar el conjunto de predictores y medir la precisión de la predicción. El procedimiento de validación cruzada sin validación evaluó la probabilidad de que una raza de origen desconocido respondiera al patrón de una raza utilizada para el ocio/como animal de compañía o que hubiera conservado su funcionalidad tradicional (caza/rateo o pastoreo/guarda). La tasa de aciertos, calculada a partir de la distancia relativa de la observación al centroide de su grupo más cercano, proporcionó un porcentaje de razas correctamente clasificadas. El estadístico Q de Press's se empleó para comparar el poder discriminatorio de la función de validación cruzada, con un valor crítico χ^2 de 6,63 que determinaba la significación. Si la Q de Press superaba este valor crítico, se consideraba que la tasa de clasificación validada de forma cruzada era al menos un 25% significativamente superior al azar, lo que indicaba que se había logrado una precisión de clasificación

Tabla 1. Variables que explican la evolución de los plazos de tiempo y el censo en las asociaciones de criadores.

Grupo	Variable	Niveles
Uso	Uso	Caza/Rateo o Guarda/Pastoreo
	Mascotas	Sí/No
Tipo	Tipo	Agrupación racial o Pura Raza
Cronometraje	Tiempo transcurrido desde los primeros registros hasta el reconocimiento de la primer estándar	Medido en años
	Tiempo desde el primer reconocimiento de la raza hasta la fundación de la asociación	
	Tiempo transcurrido desde el primer estándar hasta el reconocimiento oficial del estándar	
	Tiempo desde la fundación de la asociación hasta el reconocimiento oficial autonómico de la asociación	
	Tiempo desde la fundación de la asociación hasta el reconocimiento oficial nacional de la asociación	
	Tiempo desde el reconocimiento autonómico oficial hasta el reconocimiento del libro genealógico	
	Tiempo transcurrido desde el reconocimiento nacional oficial hasta el reconocimiento del libro genealógico	
Informaciones de Registro	RI Hembras	Registro Fundacional Hembras
	RAN Hembras	Registro Auxiliar de nacimiento Hembras
	RA Hembras	Registro Auxiliar Hembras
	RPN Hembras	Registro Definitivo de nacimiento Hembras
	RD Hembras	Registro Definitivo Hembras
	RI Machos	Registro Fundacional Machos
	RAN Machos	Registro Auxiliar de nacimiento Machos
	RA Machos	Registro Auxiliar Machos
	RPN Machos	Registro Definitivo de nacimiento Machos
	RD Machos	Registro Definitivo Machos
	RI Total	Total del Registro Fundacional
	RAN Total	Total del Registro Auxiliar de Nacimiento
	RA Total	Total del Registro Auxiliar
	RPN Total	Total del Registro Definitivo de Nacimiento
	RD Total	Total del Registro Definitivo
Total	Censo total	

Minería de datos CHAID

El análisis del árbol de decisión CHAID (Detección Automática de Interacción Chi-cuadrado) se realizó utilizando el paquete CHAID tanto en el software SPSS versión 26.0 como en el software XLSTAT (Addinsoft Pearson Edition 2014, Addinsoft, París, Francia). En SPSS, los árboles CHAID pueden crearse utilizando el procedimiento de análisis "CHAID". El análisis CHAID está disponible en la sección "Categórico" del menú "Análisis". En XLSTAT, los árboles CHAID pueden crearse utilizando el módulo "Árboles de Decisión".

Árbol de decisión

En la fase de extracción de datos se utilizó la metodología de árbol de decisión de detección automática de interacciones Chi-cuadrado (CHAID) para examinar si el uso de una raza como animal de compañía o su funcionalidad con fines de usos tradicionales influyen en la cronología del desarrollo de la estructura de protección y en los patrones de censo. CHAID, una técnica centrada en la clasificación, predicción e interpretación de datos, empleo de un nodo raíz, ramas y nodos hoja. Se crearon nodos internos en torno a variables relacionadas con la línea temporal y la evolución del censo, guiados por un criterio de división de significación de la prueba Chi-cuadrado ($P < 0,05$). Se aplicaron procesos de poda, tanto previos como posteriores, para evitar la complejidad y garantizar la inclusión de ramas que contribuyeran significativamente al ajuste global. El árbol de decisión, análogo a la regresión por pasos hacia delante, pretendía captar las relaciones significativas entre las variables independientes. Cada rama representaba los resultados de la prueba, mientras que los nodos de las hojas indicaban los niveles de categoría de la variable objetivo, concretamente si las razas se consideran animales de compañía o no. Este enfoque permitió explorar la intrincada interacción entre el papel funcional de una raza y su impacto en los aspectos temporales y censales de las estructuras de protección.

Fiabilidad del árbol de decisión: validación y validación cruzada

La validación cruzada del árbol de decisión era esencial para validar su generalización a razas nuevas y aún por explorar. Para ello, el parámetro de complejidad y la tasa de error de la validación cruzada fueron decisivos a la hora de seleccionar un árbol que equilibrara precisión y simplicidad. Para mitigar los riesgos de sobreajuste y mejorar la precisión predictiva del modelo para diversas razas, se empleó un método de validación cruzada de "dejar uno fuera".

Resultados

Análisis discriminante canónico

Análisis de multicolinealidad de plazos y censos

Para evaluar la fiabilidad del modelo de análisis discriminante canónico, se llevó a cabo un examen exhaustivo de la multicolinealidad (véase la Tabla S1). La evaluación estadística incluyó valores de tolerancia y del factor de inflación de la varianza (VIF) para diversos factores que influyen en el análisis. En particular, el tiempo transcurrido desde los primeros registros hasta el reconocimiento del primer estándar exhibió una tolerancia de 0,646 y un VIF de 1,549. Del mismo modo, el tiempo transcurrido desde el primer reconocimiento de la raza hasta la fundación de la asociación mostró una tolerancia de 0,820 y un VIF de 1,219. El tiempo transcurrido desde la fundación de la asociación hasta el reconocimiento oficial nacional de la misma mostró una tolerancia alta de 0,930 y un VIF bajo de 1,075. Por otro lado, el tiempo transcurrido desde el reconocimiento oficial autonómico hasta el reconocimiento del libro genealógico mostró una tolerancia moderada de 0,411 y un VIF relativamente alto de 2,435. Examinando las hembras de registro fundacional, se observó que la tolerancia era de 0,400, y el VIF de 2,499. Cabe destacar que ciertas variables relacionadas con las hembras y los machos del registro, así como aspectos como el uso (caza/rateo, guarda/pastoreo) y el tipo de raza (agrupación racial, raza pura)

mostraron una tolerancia de 0,000 y un VIF de 0,000, lo que sugiere posibles problemas de colinealidad. Por consiguiente, estas variables se excluyeron de los análisis posteriores para garantizar la solidez y validez del modelo de análisis canónico discriminante.

Fiabilidad del modelo y potencial explicativo

La prueba Lambda de Wilks, que emplea la aproximación de Rao, arrojó un valor Lambda notablemente bajo de 0,003. Este resultado, junto con el valor F observado de 75,409, sugiere una diferenciación significativa entre los grupos considerados. Sin embargo, cuando se compara con el valor F crítico de 224,583, el valor p de 0,05 alcanza la significación estadística convencional al nivel alfa de 0,05. A pesar de ello, el valor lambda excepcionalmente bajo implica una variación sustancial entre los grupos, lo que justifica una investigación más profunda.

Eficiencia del análisis

Los resultados del análisis discriminante revelan una única función discriminante (F1) con un valor propio sustancial de 301,638. Esto indica que F1 capta toda la variabilidad de los datos, alcanzando un porcentaje de discriminación del 100% y un porcentaje acumulativo del 100%. Estos resultados subrayan la eficacia de la función discriminante para distinguir entre los grupos considerados. Además, la prueba de Bartlett para la significación del valor propio arrojó un resultado estadísticamente significativo, con un valor propio de 301,638, un estadístico de Bartlett de 11,425 y un valor p de 0,022. La significación de la prueba de Bartlett sugiere que el valor propio de la función discriminante no se debe al azar, lo que refuerza la validez de la función discriminante para discriminar eficazmente entre los grupos. En conjunto, estos resultados confirman la solidez y fiabilidad del análisis discriminante para captar y explicar la variabilidad del conjunto de datos, y ponen de relieve el significativo poder discriminatorio de la función discriminante derivada.

Potencial de discriminación

La prueba unidimensional de igualdad de medias entre las distintas variables proporciona información sobre el poder discriminatorio de estos factores en el contexto del análisis discriminante. Los valores Lambda, que van de 0,481 a 1, indican la eficacia de cada variable para discriminar entre las clases definidas. Un valor Lambda de 1 significa que no hay poder discriminatorio, mientras que los valores cercanos a 0 sugieren un mayor potencial discriminatorio. En particular, la variable "Registro Definitivo Total (RD Total)" destaca con un Lambda relativamente bajo de 0,481, lo que indica que contribuye significativamente a la discriminación entre clases. Además, los estadísticos F y los valores p asociados subrayan aún más el poder discriminatorio de "Registro Definitivo Total (RD Total)" con un resultado estadísticamente significativo ($F = 4,316$, $p < 0,05$).

A continuación, la variable "Tiempo desde el Primer Reconocimiento de la Raza hasta la Fundación de la Asociación" demuestra un potencial discriminatorio moderado con un valor lambda de 0,900 y un estadístico F asociado de 0,444 ($p > 0,05$), lo que indica su contribución a la discriminación entre las clases definidas en la prueba unidimensional.

Por el contrario, variables como "Tiempo transcurrido desde los primeros registros hasta el reconocimiento del primer estándar" y "Uso-caza/rateo" presentan valores lambda más elevados, lo que sugiere un menor potencial discriminatorio a la hora de distinguir entre las clases definidas, pero sigue siendo relevante para discriminar entre razas. Estas conclusiones ponen de relieve la contribución específica de cada variable al poder discriminatorio, orientando la interpretación de los resultados y destacando la importancia de determinados factores para caracterizar los grupos considerados.

Coeficientes discriminantes y patrones de clasificación

Los coeficientes discriminantes ofrecen información valiosa sobre las variables que influyen en la discriminación entre las clases definidas. En F1, el coeficiente para "Tiempo desde los primeros registros hasta el reconocimiento del primer estándar" es de -9,994, lo que

indica que una menor duración en el inicio de los registros de la raza se asocia con una mayor probabilidad de discriminación. Del mismo modo, el "Tiempo desde el primer reconocimiento de la raza hasta la fundación de la asociación" tiene un coeficiente de -3,707, lo que subraya la importancia de una transición rápida desde el reconocimiento de la raza hasta la fundación de la asociación. En particular, las variables relacionadas con el reconocimiento de las hembras en los registros fundacionales y totales, incluidas las Hembras de Registro Fundacional (Hembras RI), las Hembras de Registro Auxiliar de Nacimiento (Hembras RAN), las Hembras de Registro Auxiliar (Hembras RA), las Hembras de Registro Definitivo de Nacimiento (Hembras RPN) y Registro Definitivo Hembras (RD Hembras), así como sus homólogos masculinos y el total de registros (RI Machos, RAN Machos, RA Machos, RPN Machos, RD Machos, RI Total, RAN Total, RA Total, RPN Total, RD Total), no muestran influencia discriminatoria con coeficientes de 0.000. Por el contrario, "Registro Definitivo Total" (RD Total) demuestra un efecto discriminatorio significativo con un coeficiente de 12,950, lo que sugiere que el número de hembras registradas en el registro definitivo contribuye significativamente a la discriminación entre las clases. El coeficiente negativo de -4,908 para "Uso-caza/rateo" pone de relieve que un mayor énfasis en los fines de caza/rateo reduce la probabilidad de discriminación en las clases definidas. En general, estos coeficientes discriminantes aclaran los factores temporales y categóricos específicos que conforman las pautas de discriminación en el contexto estudiado.

Análisis discriminante y árbol CHAID

Análisis

El análisis del árbol de decisión CHAID profundizó en las intrincadas relaciones existentes en el conjunto de datos, centrándose especialmente en las variables de evolución cronológica y censal relativas a las asociaciones entre razas. En el nodo raíz (Nodo 1), el análisis comenzó con seis objetos, distribuyéndolos en los nodos siguientes en función de la significación estadística de las variables pertinentes. El Nodo 2 y el Nodo 3, emanados del Nodo 1, dividieron aún más el conjunto de datos en función del tiempo transcurrido desde

la fundación de la asociación hasta el reconocimiento oficial nacional. El Nodo 2, con un valor p de 0,500, creó dos ramas, que condujeron al Nodo 4 y al Nodo 5, que exploraron el impacto de los diferentes usos, en concreto la Guardia/Pastoreo y la Caza/Rateo, respectivamente. En particular, el Nodo 4 reveló que las razas asociadas a la Guardia/Pastoreo tienen una tasa de pureza del 100%. Por su parte, el Nodo 5 demostró que, entre las razas asociadas a la Caza/Rateo, las que tenían un Registro Fundacional de Hembras (RI Hembras) comprendido entre 356 y 735 presentaban una pureza del 100%. Estos hallazgos, dilucidados a través del árbol de decisión CHAID, ofrecen una comprensión matizada de los factores que influyen en el desarrollo de las estructuras de protección y la evolución del censo en las razas caninas autóctonas, proporcionando información valiosa para los criadores, las asociaciones y los responsables de las políticas de conservación en las Islas Baleares. La figura 1 muestra la representación del árbol CHAID.

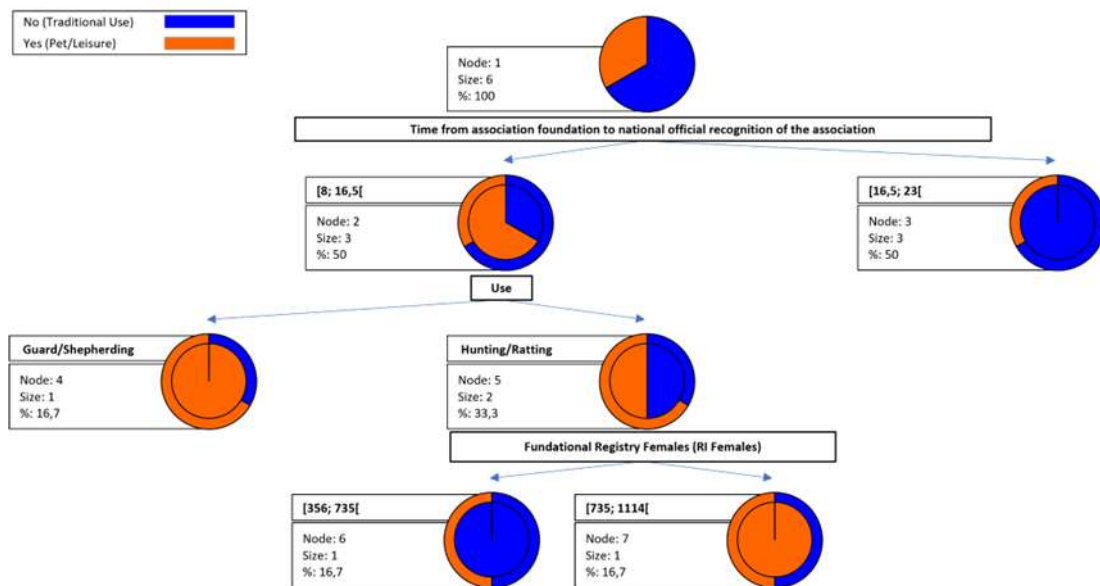


Figura 1. Árbol de decisiones CHAID que explora cómo la funcionalidad de una raza como animal de compañía o en el uso tradicional influye en los plazos de las estructuras de protección y en los patrones de censo.

Fiabilidad: validación cruzada

En las tablas 2 y 3 se presentan los resultados de la clasificación y de la validación cruzada con exclusión. Un valor Q de Press superior a 6,63 apoyó predicciones significativamente mejores que el azar con un nivel de confianza del 95%. La validación cruzada de diez veces arrojó tasas de error de restitución y validación cruzada similares, lo que indica la profundidad óptima del árbol CHAID y respalda la solidez de los resultados.

Tabla 2. Clasificación previa y posterior, probabilidades de pertenencia, puntuaciones y distancias al cuadrado.

Observaciones	Previa	Posterior	No	Sí
Ca de Conills	No	No	1	0
Podenco Ibicenco	No	No	1	0
Ca de Bou	Sí	Sí	0	1
Ca de Bestiar	No	Sí	0	1
Ca Rater Mallorquin	Sí	Sí	0	1
Ca Mè Mallorquin	No	Sí	0	1

No: Se conserva el uso tradicional; Sí: Se pierde el uso tradicional a favor del uso de la raza como animal de compañía o de ocio

La matriz de confusión proporcionada indica que el modelo alcanzó una precisión global del 66,67% en la predicción de las clases correctas. Sin embargo, es esencial analizar la sensibilidad y la especificidad para comprender mejor el rendimiento del modelo para cada clase.

Para la clase "Sí" (que indica una condición positiva), el modelo alcanzó una sensibilidad del 100%. Esto significa que el modelo identificó correctamente todos los casos de la clase positiva entre los casos positivos reales. En cambio, para la clase "No" (que indica una condición negativa), el modelo demostró una especificidad del 50%. Esto sugiere que el modelo identificó correctamente sólo la mitad de los casos negativos reales.

Aunque alcanzar una sensibilidad perfecta para la clase positiva es favorable, la menor especificidad para la clase negativa indica que hay margen de mejora. Dependiendo de la

aplicación, el equilibrio entre sensibilidad y especificidad puede ser crucial. Los resultados sugieren que el modelo detecta mejor los casos positivos, pero que es necesario perfeccionarlo para reducir los falsos positivos de los casos negativos.

Tabla 3. Matriz de confusión para los resultados de la validación cruzada sin exclusión.

De \ A	No (Se preserva el uso tradicional)	Sí (El uso tradicional se pierde en favor de su utilización como animal de compañía)	Total	% correcto
No (Se preserva el uso tradicional)	2	2	4	50,00%
Sí (Se pierde el uso tradicional en favor de su uso como mascota t)	0	2	2	100,00%
Total	2	4	6	66,67%

Discusión

La evaluación de la cronología de las asociaciones de criadores y de las estructuras de protección, así como de la evolución de los censos de razas, requiere herramientas analíticas sólidas para extraer conclusiones significativas. El Análisis Canónico Discriminante (CDA), y los árboles de decisión de interacción CHAID (Detección Automática de Interacción Chi-cuadrado) surgen como metodologías particularmente adecuadas para este propósito. El CDA resulta ventajoso para discernir patrones temporales y relaciones entre diversos factores temporales, como el inicio de los registros de raza, los plazos de reconocimiento oficial y el establecimiento de asociaciones [20]. Al transformar las variables originales en un conjunto de variables canónicas, el CDA proporciona una comprensión global de cómo estos elementos temporales interactúan e influyen en las estructuras generales de protección de las razas caninas autóctonas. Por otro lado, los árboles de decisión CHAID ofrecen un medio eficaz para explorar las relaciones jerárquicas dentro de la evolución del censo de razas, revelando umbrales críticos y dinámicas de población que influyen en la funcionalidad y los riesgos potenciales. La capacidad del CHAID para detectar automáticamente interacciones significativas entre variables lo hace idóneo para captar la intrincada interacción de factores que influyen en el censo de razas, incluido el número de hembras registradas y los plazos de reconocimiento [21]. En conjunto, estos enfoques analíticos ofrecen una perspectiva matizada

de los aspectos temporales y relacionados con el censo de la protección de las razas, mejorando la precisión y la profundidad de los conocimientos para los criadores, las asociaciones y los responsables políticos implicados en la conservación de las razas caninas autóctonas en las Islas Baleares.

La conservación de las razas caninas autóctonas es un aspecto crucial para mantener la biodiversidad y el patrimonio cultural. Nuestro análisis se centró en los factores clave que influyen en la funcionalidad de las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares, con especial énfasis en el tiempo, la funcionalidad de las razas y el censo de población. Nuestros hallazgos subrayan el papel fundamental del tiempo en la conservación de las razas caninas autóctonas. El inicio de los primeros registros sirve como aspecto fundamental, dilucidando dos marcos temporales críticos. En primer lugar, el periodo transcurrido desde la publicación del primer estándar no oficial de la raza hasta su reconocimiento oficial desempeña un papel fundamental. Una duración más corta desde el primer registro de animales hasta la publicación del estándar no oficial se correlaciona con un reconocimiento oficial más rápido del estándar de la raza. Esto subraya la necesidad de iniciar rápidamente registros no oficiales, especialmente en el caso de las razas que carecen de un estándar oficial. En segundo lugar, el tiempo transcurrido desde el establecimiento de los registros iniciales hasta la publicación del primer estándar no oficial de la raza y desde el reconocimiento oficial de la raza hasta el reconocimiento del libro genealógico proporciona información valiosa. El inicio temprano de los registros no oficiales acelera el reconocimiento oficial del libro genealógico para las razas autóctonas. Esto subraya la importancia fundamental de iniciar registros genealógicos para las razas autóctonas como punto clave en el marco de protección.

El debate también profundiza en la dinámica temporal del reconocimiento de las asociaciones, haciendo hincapié en su impacto en el avance de la raza. El reconocimiento, ya sea a nivel nacional o regional, influye significativamente en el progreso de la raza. Nuestro análisis revela que los reconocimientos nacionales priman sobre los regionales, lo que subraya la necesidad de un reconocimiento oportuno y preferiblemente nacional para una protección eficaz de la raza [22]. Las asociaciones, como componentes integrales de la preservación de la raza, desempeñan papeles polifacéticos en las esferas social, política, tecnológica y cultural. La participación de las asociaciones en diversas actividades, como concursos, ferias y eventos

especializados, es crucial para la visibilidad y protección de la raza. El reconocimiento de las asociaciones emerge como un punto crítico, siendo el reconocimiento nacional el que tiene más peso en la estructura general de protección [20].

Nuestro estudio subraya la importancia de la funcionalidad de las razas caninas autóctonas, concretamente en el contexto de su uso tradicional. El tiempo transcurrido desde la fundación de una asociación hasta su reconocimiento oficial nacional sirve de umbral crítico, fijado en 16,5 años. Las razas que han conservado su funcionalidad suelen superar este plazo, mientras que las que están por debajo pueden priorizar su uso como animales de compañía frente al mantenimiento de sus funciones tradicionales. Curiosamente, algunas razas, sobre todo las utilizadas tradicionalmente para la caza, han conseguido mantener su funcionalidad incluso dentro del umbral de los 16,5 años. Esto sugiere que los usos tradicionales, como la caza, pueden actuar como factores protectores contra la pérdida de funcionalidad. Sin embargo, las razas con funciones tradicionales como la guardia o el pastoreo pueden enfrentarse a desafíos, potencialmente influidos por factores externos como el mestizaje con razas internacionales u otras razas autóctonas.

El censo de la población, concretamente el número de hembras inscritas en el registro fundacional se perfila como un factor crucial para la protección de las razas. La clasificación de la FAO, que va de extinta a sin riesgo, proporciona un marco global para evaluar el estado de riesgo de las razas [21]. Se observa que las razas con un censo de hembras superior a 735 en el registro fundacional pierden funcionalidad en favor de convertirse en animales de compañía. Por el contrario, las razas con censos inferiores a 735 y superiores a 356 han mantenido funciones tradicionales, sobre todo en la caza, y han alcanzado el reconocimiento nacional en un plazo más breve.

La validación cruzada de los datos respalda aún más nuestras conclusiones, indicando que ciertas poblaciones, como PI y CC, no corren riesgo de perder su funcionalidad tradicional, lo que subraya su importancia continuada en actividades como la caza. Sin embargo, razas como CBOU y CR han pasado a desempeñar funciones de animales de compañía, lo que exige medidas proactivas para preservar sus características únicas. El ejemplo del CM, que aplica pruebas funcionales relacionadas con su uso tradicional de la

caza, sirve de valiosa estrategia para mantener la funcionalidad de la raza y contrarrestar la tendencia a convertirse en animales de compañía.

Conclusiones

La conservación de las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares es crucial y exige el establecimiento de estructuras de protección para evitar su pérdida funcional y su posible extinción. Nuestro estudio subraya el reconocimiento oficial de una asociación como principal salvaguarda, que aboga de forma expeditiva por los intereses compartidos y cataliza las actividades centradas en los ejemplares de la raza. Las actividades clave dentro de la asociación, como la recopilación temprana de registros de animales y la formulación de un estándar racial, aceleran su eventual reconocimiento oficial. El mantenimiento de los usos tradicionales, especialmente la caza, es vital, ya que se ha demostrado que las actividades cinegéticas preservan las razas diseñadas para este fin. Por el contrario, las razas dedicadas al pastoreo y la guarda muestran una mayor susceptibilidad al declive funcional. Un censo de las razas caninas baleares, concretamente de las hembras del registro fundacional, que oscila entre 356 y 735, surge como una medida crucial para el mantenimiento del uso habitual y su preservación. Estas estrategias de protección pueden servir de modelo para otras razas caninas en proceso de reconocimiento oficial, en particular para baleares en el CC, que inició estos esfuerzos en 2019.

Contribuciones de los autores:

Conceptualización, José Manuel Alanzor Puente y Francisco Javier Navas González; Curación de datos, José Manuel Alanzor Puente y Francisco Javier Navas González; Análisis formal, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza y Francisco Javier Navas González; Adquisición de fondos, Águeda Laura Pons Barro y Juan Vicente Delgado Bermejo; Investigación, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Metodología, Francisco Javier Navas González; Administración del proyecto, Águeda Laura Pons Barro y Juan Vicente Delgado Bermejo; Recursos, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza y Juan Vicente Delgado Bermejo; Software, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza y Francisco Javier Navas González; Supervisión, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Validación, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Visualización, Águeda Laura Pons Barro y Juan Vicente Delgado Bermejo; Escritura – borrador original, José Manuel Alanzor Puente y Francisco Javier Navas González; Escritura – revisión y edición, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro,

Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. Todos los autores leyeron y aceptaron la versión publicada del manuscrito.

Financiación

La presente investigación se llevó a cabo durante el periodo de cobertura de un Contrato Postdoctoral Ramón y Cajal con la referencia MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea "NextGenerationEU"/PRTR.

Declaración de la Junta de Revisión Institucional

No aplica.

Declaración de consentimiento informado

No aplica.

Declaración de disponibilidad de datos

Los datos se pondrán a disposición del autor correspondiente previa solicitud razonable. Tabla S1. Análisis de multicolinealidad de la evolución temporal y del censo en las asociaciones de criadores

Reconocimientos

Los autores expresan su sincero agradecimiento a la Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí y Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya por su inestimable apoyo y colaboración en la publicación de ideas y datos esenciales que finalmente se utilizaron para este estudio. El compromiso y dedicación de estas organizaciones a la preservación y promoción de las razas caninas en las Islas Baleares han enriquecido significativamente la investigación, permitiendo su comprensión integral y permitiendo la evaluación de la dinámica genética y los patrones evolutivos de las razas y grupos de razas presentes en el archipiélago. Su experiencia y contribuciones han sido fundamentales para avanzar en nuestro conocimiento de las poblaciones de razas, lo que refleja su profundo compromiso con la conservación y el bienestar de estas razas caninas únicas

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses

Referencias

1. Berón, M.A.; Prates, L.R.; Prevosti, F.J. *Una Historia De Perros: Mitos Y Certezas Sobre Su Origen Y Dispersión En América*. Universidad Nacional de La Plata: Buenos Aires, Argentina, 2015.
2. Salvador, A.d.À.L. *Die Balearen in wort und bild geschildert*; Brockhaus, F.A.: Leipzig, Alemania, 1869.
3. Puigserver i Gil de Sola, G. *Els animals domèstics de raça autòctona de Mallorca*. PRAM (Patronat de les Races Autòctones de Mallorca Mallorca, Spain, 1998).
4. Gual Fournier, S. *El Ca de Bou. El mítico Perro de Presa Mallorquín*; Ed. Sergio Gual Fournier: Mallorca, Spain, 2010.
5. Marí, A.P. *Races autòctones de les Pitiüses*; Genial: Ibiza, Spain, 2003.
6. Payeras, LL.; Falconer, J.. *El Ca Rater Mallorquí*; Oficina de la caça. Departament de Medi Ambient i Natura. Consell de Mallorca: Mallorca, Spain, 1998.
7. Payeras, LL.; Falconer, J.. *El Ca Mè Mallorquí*; Oficina de la caça. Departament de Medi Ambient i Natura. Consell de Mallorca: Mallorca, Spain, 2004.
8. Navas, F.J. I Jornada sobre el Ca de Conills de Menorca, 4-5 July, 2020, Mercadal, Menorca, Spain.
9. Anguera Sansó, B. *Races Autòctones de les Illes Balears*; Conselleria d'Agricultura i Pesca. Govern de les Illes Balears 2003.
10. Alanzor Puente, J.M.; Pons Barro, Á.L.; de la Haba Giraldo, M.R.; Delgado Bermejo, J.V.; Navas González, F.J. Does functionality condition the population structure and genetic diversity of endangered dog breeds under island territorial isolation? *Animals* **2020**, *10*, 1893.
11. Spanish Ministry of Agriculture, Fisheries and Food. Royal Decree 558/2001, of May 25, which regulates the official recognition of organizations or associations of purebred dog breeders. «BOE» No. 142, June 14, 2001, pages 21156–21182.
12. Spanish Ministry of the Environment, Rural and Marine Affairs. Order Arm/573/2010, Of 4 March, Amending The Annex Of The Royal Decree 558/2001 Of 25 May, Which Regulates The Official Recognition Of Organizations Or Associations Of Breeders Of Purebred Dogs. «BOE» No. 62 of 12 March 2010, pp. 24841–24841.
13. Leroy, G.; Rognon, X.; Varlet, A.; Joffrin, C.; Verrier, E. Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data. *J. Anim. Breed. Genet.* **2006**, *123*, 1–9.
14. Vázquez Muñoz, P.A. Evaluación del impacto del Programa de Desarrollo Rural 2007-2013 (PDR) sobre el sector agrario de las Islas Baleares. Agronomic Engineering Master Degree Final Project, Universitat De Les Illes Balears, Mallorca, Spain, **2018**.
15. Adrover, A.; Grimalt, M.; Binimelis, S. Implicaciones territoriales, sociales y ambientales de las sociedades de cazadores locales en Mallorca. *Análisis espacial y representación geográfica: innovación y aplicación*. Universidad de Zaragoza: Zaragoza, Spain, 2015, 1543–1552.
16. Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural Decret 5/2007, de 2 de febrer, pel qual s'aprova el Catàleg d'agrupacions racials dels animals domèstics autòctons de les Illes Balears i es regulen les entitats dedicades a fomentar-los. BOIB núm. 020, de 8 de febrer de 2007, Mallorca, Spain.
17. Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural. Decree 8/2017, of February 17, which regulates the racial prototype of the ca de bou, BOCAIB of February 18, 2017, Mallorca, Spain.

18. Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural. Resolució del conseller d'Agricultura i Pesca, de 30 de novembre de 2002, estandar racial. **2002**.
19. Navas, F. II Jornada sobre el Ca de Conill de Menorca. 30 April to 1st May, 2022, Mercadal, Menorca, Spain, 2023.
20. Casanova, D.; Andere, C.; Rodríguez, E.; Bergonzelli, P. Argentine genetic evaluation. Results of bull performance. In *Performance Recording of Animals-State of the Art, 2004*; Wageningen Academic: Wageningen, Netherlands, 2005; pp. 185-194.
21. Scherf, B.D. *Lista mundial de vigilancia para la diversidad de los animales domésticos*; FAO: Rome, Italy, 1997.
22. Juárez, J.R.R. El registro de asociaciones como parte del contenido esencial del derecho de asociación. Phd Thesis, UNED. Universidad Nacional de Educación a Distancia, Spain, 2021.

1.2 Desenmarañando Hilos Temporales: Evaluando Correlaciones en las Líneas Temporales de Asociaciones de Razas Caninas Autóctonas en las Islas Baleares

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza ², Carmen Marín Navas ³, Inés Concepción Felipe ³, Juan Vicente Delgado Bermejo ³ y Francisco Javier Navas González ^{3*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural Govern Illes Balears, 07009 Palma, España.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, España.

³ Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.

La información del indicador de calidad proporcionada en la publicación

*Información más reciente disponible (2022)

Estado del manuscrito: Publicado

Revista (año, volumen, páginas): Archivos de Zootecnia, Año 2024, Volumen 73, Número 281, Páginas 24-27.

Base de datos internacional en la que está indexada: ScimagoJournal & Country Rank (SJR)

Área temática en la base de datos de referencia: Animal Science and Zoology

Índice de impacto de la revista en el año de publicación del artículo: 0.17

Clasificación/número de revistas en el área temática: 216/447 (Q4)

Resumen

Este estudio investiga las dinámicas temporales del reconocimiento de razas autóctonas de perros en las Islas Baleares, revelando una compleja interacción de relaciones a lo largo de diversas etapas. El análisis, representado a través de un mapa de calor y una matriz de correlación, destaca la importancia del reconocimiento temprano de las razas al mostrar fuertes correlaciones negativas con etapas posteriores, dando forma a la trayectoria para la preservación estandarizada de las razas. Las asociaciones emergen como actores centrales, exhibiendo correlaciones positivas en sus dinámicas temporales y contribuyendo significativamente a la sostenibilidad del ecosistema isleño. Notablemente, el estudio identifica conexiones matizadas entre la secuencia temporal del desarrollo de las asociaciones y los logros subsiguientes de reconocimientos oficiales autonómicos y nacionales. Los hallazgos proporcionan perspectivas valiosas sobre los patrones intrincados que rigen la preservación de las razas, ofreciendo una guía integral para estrategias de conservación informadas y contribuyendo a esfuerzos más amplios en la conservación de la biodiversidad y la tutela del patrimonio cultural único de las Islas Baleares.

Palabras claves

Estructuras de protección; Asociación de criadores; Libros Genealógicos; Islas Baleares; Análisis de Correlación

Introducción

Las Islas Baleares, con sus variados ecosistemas y su patrimonio cultural, constituyen un telón de fondo único para el examen de las razas caninas autóctonas. Más allá del mero análisis cronológico, esta investigación pretende descifrar las narrativas que forjan el pasado, iluminan el presente y orientan el futuro de estas poblaciones caninas. La condición de archipiélago de la región plantea dificultades, ya que hay que encontrar un delicado equilibrio entre el aislamiento geográfico [1] y la necesidad de coordinar los esfuerzos de conservación [2].

La exploración comienza con un examen del tiempo transcurrido desde los primeros registros hasta el reconocimiento del primer estándar, un periodo en el que arraiga la identidad de la raza [3]. Progresando en el tiempo, la transición del reconocimiento del primer estándar de la raza a la creación de la asociación supone la evolución de la tradición de preservación [4] a los esfuerzos organizados de conservación [5]. Estos hitos marcan la evolución dinámica de los cánidos y ponen de relieve la intrincada interacción entre la gestión humana y la dinámica medioambiental de las islas.

Las correlaciones positivas identificadas en el estudio subrayan que las líneas temporales de reconocimiento son narrativas entrelazadas que ponen de relieve la importancia de los esfuerzos colectivos y el apoyo institucional.

En el contexto de los retos que plantea el archipiélago balear, el papel de las asociaciones [6] se convierte en fundamental. Estas organizaciones se convierten no sólo en guardianes de los estándares de la raza [7], sino también en contribuyentes a la sostenibilidad dentro del ecosistema [8] insular. Las asociaciones actúan como puentes, conectando a entusiastas y expertos en una sinfonía de colaboración que abordan los retos planteados por la singular geografía de la región.

El objetivo del estudio es ofrecer algo más que un vistazo al pasado, proporcionando una comprensión global del presente y trazando un rumbo para el futuro. Más allá de las correlaciones estadísticas, el estudio aspira a proporcionar una hoja de ruta para estrategias de conservación fundamentadas y eficaces. Al desenredar estos hilos, el objetivo es preservar la

biodiversidad y el patrimonio cultural, garantizando la coexistencia armoniosa de las razas caninas autóctonas dentro del intrincado tapiz de las islas Baleares.

Materiales y Métodos

Se utilizó la versión 2014.5.03 de XLSTAT para calcular las correlaciones del producto de Pearson entre variables que representan colectivamente distintos hitos temporales en el amplio proceso de reconocimiento de las razas caninas autóctonas, desde la creación de registros de razas hasta el reconocimiento oficial de las razas, la creación de asociaciones y, finalmente, el reconocimiento nacional e internacional, marcando transiciones evolutivas clave en la preservación de las razas.

Resultados

Correlaciones producto-momento de Pearson

La figura 1 muestra un mapa de calor que muestra las correlaciones entre los distintos momentos de la línea temporal que va desde el momento en que se recopilan los primeros registros de poblaciones caninas hasta el momento en que la raza logra su reconocimiento a nivel autonómico y nacional. Como sugiere la escala, cuanto más intenso es el color rojo, mayores son también las correlaciones positivas entre pares de elementos. Por el contrario, cuanto más intenso sea el color azul, mayor será la correlación negativa entre los elementos temporales.

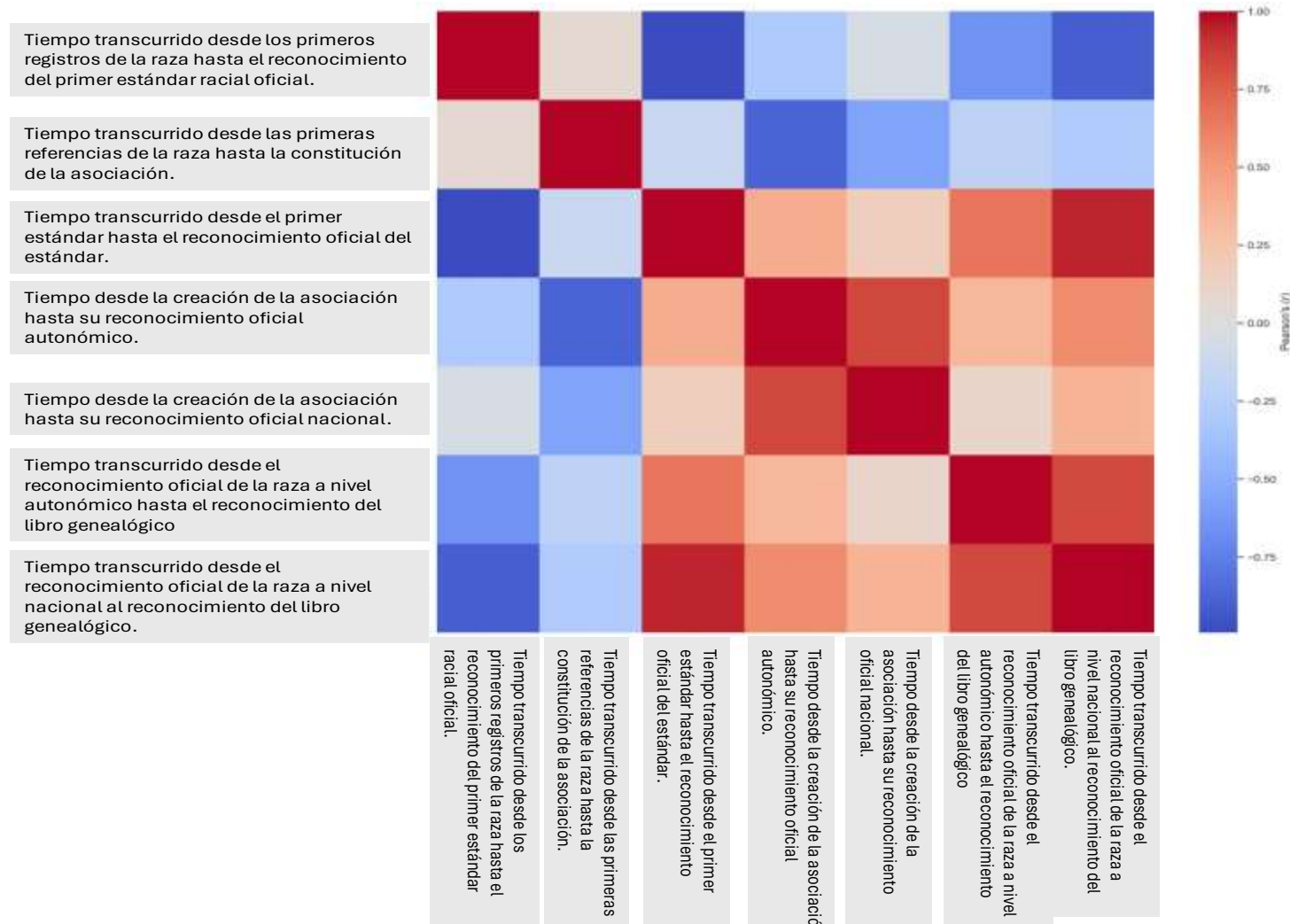


Figura 1. Mapa de calor que muestra las correlaciones entre los distintos momentos de la línea temporal.

Tiempo transcurrido desde los primeros registros de la raza hasta el reconocimiento del primer estándar racial oficial:

La matriz de correlaciones de la Figura 1 revela relaciones intrigantes en la cronología del reconocimiento de las razas caninas. El tiempo transcurrido desde los primeros registros basado en un estándar racial no oficial hasta el reconocimiento del primer estándar oficial muestra fuertes correlaciones negativas con las etapas posteriores al reconocimiento oficial del estándar.

Tiempo transcurrido desde las primeras referencias de la raza hasta la constitución de la asociación:

Al examinar la interacción entre las primeras referencias de la raza y la constitución de la asociación, una correlación negativa significativa pone de manifiesto las posibles conexiones entre estas fases fundamentales del proceso de reconocimiento de la raza.

Tiempo transcurrido desde el primer estándar hasta el reconocimiento oficial del estándar:

El análisis de los aspectos temporales dentro de los estándares de las razas expone correlaciones dignas de mención. el tiempo transcurrido desde el primer estándar hasta su reconocimiento oficial muestra fuertes asociaciones negativas con el tiempo transcurrido desde los primeros registros hasta el reconocimiento del primer estándar, y correlaciones positivas sustanciales con el tiempo transcurrido desde la creación de la asociación hasta el reconocimiento oficial nacional.

Tiempo desde la creación de la asociación hasta su reconocimiento oficial autonómico y nacional:

En la transición a la fase de asociación, surgen correlaciones entre el tiempo transcurrido desde su creación hasta su reconocimiento oficial autonómico y nacional. Las asociaciones fundadas antes presentan correlaciones moderadas positivas con los posteriores reconocimientos oficiales tanto autonómicos como nacionales.

Tiempo transcurrido desde el reconocimiento oficial de la raza a nivel autonómico hasta el reconocimiento del libro genealógico:

Al examinar la progresión desde el reconocimiento oficial hasta el reconocimiento del libro genealógico, surgen correlaciones moderadas positivas, que proporcionan información sobre las relaciones temporales entre el reconocimiento oficial autonómico de la raza y el paso posterior del reconocimiento del libro genealógico.

Tiempo transcurrido desde el reconocimiento oficial de la raza a nivel nacional al reconocimiento del libro genealógico:

Por último, en la transición del reconocimiento oficial de la raza a nivel nacional al reconocimiento del libro genealógico, las fuertes correlaciones negativas con el tiempo transcurrido desde los primeros registros hasta el reconocimiento del primer estándar, junto con las correlaciones positivas moderadas con la creación de la asociación y el reconocimiento oficial autonómico de la raza, desvelan patrones temporales intrincados en esta fase crucial.

Discusión

El examen de la dinámica temporal en el reconocimiento y la conservación de las razas caninas autóctonas en las Islas Baleares ofrece una perspectiva matizada de la intrincada interacción entre diversas etapas. Las secuencias temporales, desde el inicio de los registros de los animales [9] de la razas hasta la consecución del reconocimiento autonómico y nacional [10], ofrecen una visión profunda de la narrativa evolutiva de la conservación de las razas.

Las correlaciones negativas observadas entre el tiempo transcurrido desde los primeros registros [9] hasta el reconocimiento del primer estándar [11] y las etapas posteriores subrayan la importancia crítica del reconocimiento temprano de la raza [12]. Esta fase fundacional parece ser un factor determinante que marca la trayectoria de la posterior formalización del estándar racial [13]. La correlación negativa con el tiempo transcurrido desde el primer estándar hasta su reconocimiento oficial sugiere que el rápido reconocimiento de las características de la raza contribuye a una ágil estandarización.

A medida que la cronología avanza desde las primeras referencias de la raza hasta la fundación de la asociación, una correlación negativa significativa apunta hacia una conexión intrínseca entre el reconocimiento inicial de una raza y la posterior creación de una asociación. Esto pone de relieve una transición evolutiva matizada, que significa un cambio de la fase de preservación basada en la afición individual a la de los esfuerzos colectivos organizados en forma de asociaciones [14]. Las correlaciones positivas identificadas en esta transición implican que la estructura organizativa de las asociaciones [15] está estrechamente interrelacionada con el reconocimiento temprano de las razas caninas en cuestión.

La dinámica temporal dentro de las asociaciones se hace evidente a medida que avanza el estudio. Las correlaciones positivas entre el tiempo transcurrido desde la fundación de la asociación hasta los reconocimientos oficiales de la raza y de la asociación tanto autonómicos como nacionales indican una relación simbiótica. Las asociaciones fundadas antes no sólo allanan el camino para el reconocimiento nacional, sino que también muestran conexiones positivas con el reconocimiento autonómico. Esto sugiere que la dimensión temporal del desarrollo de las asociaciones desempeña un papel en la configuración de un proceso de reconocimiento más amplio.

Avanzando más en la cronología, la transición del reconocimiento oficial autonómico al reconocimiento de los libros genealógicos [16] revela correlaciones positivas moderadas. Esto subraya las relaciones temporales entre el logro del reconocimiento oficial de la raza y de la asociación y el avance hacia la formalización de los libros genealógicos. La naturaleza complicada de esta fase sugiere que la alineación temporal de estos acontecimientos puede contribuir a una trayectoria de conservación más coherente y eficaz.

La transición del reconocimiento oficial nacional de la raza y de la asociación al reconocimiento de los libros genealógicos [16] introduce complejidades marcadas por fuertes correlaciones negativas con el tiempo transcurrido desde los primeros registros hasta el reconocimiento del primer estándar. Simultáneamente, las correlaciones positivas moderadas con la fundación de asociaciones y el reconocimiento oficial autonómico de la raza y de la asociación indican un delicado acto de equilibrio. Superar estos retos requiere un enfoque armonizado, en el que el reconocimiento temprano de la raza se alinee con el reconocimiento de la asociación, contribuyendo a una transición más suave hacia el reconocimiento nacional e internacional del libro genealógico.

Comprender esta intrincada dinámica temporal ofrece una base para futuras estrategias de conservación. La exhaustiva hoja de ruta derivada de las correlaciones estadísticas se convierte en una herramienta crucial para la toma de decisiones justificada. Más allá de los análisis estadísticos, la ambición del estudio de proporcionar una hoja de ruta para estrategias de conservación eficaces adquiere importancia, especialmente en la preservación de la biodiversidad y el patrimonio cultural de las Islas Baleares.

Conclusiones

Este estudio explora la dinámica temporal del reconocimiento de las razas caninas autóctonas en las Islas Baleares, desvelando una narrativa de interdependencias y transiciones desde la identificación temprana de la raza hasta el reconocimiento autonómico y nacional de la raza y de la asociación. La fase fundacional hace hincapié en el papel fundamental que desempeñó el reconocimiento temprano de la raza a la hora de dar forma al estándar de la raza, facilitar las transiciones posteriores y sentar las bases para los esfuerzos organizados de

conservación. Las asociaciones surgen como contribuyentes clave, evolucionando de guardianes de los estándares de las razas a actores integrales en la sostenibilidad del ecosistema insular. Las correlaciones positivas en el desarrollo de las asociaciones subrayan su papel crucial a la hora de guiar a las razas desde el reconocimiento local al nacional, actuando como puentes vitales para abordar los retos planteados por la condición de archipiélago de las Islas Baleares. Estos hallazgos ofrecen una visión profunda de la preservación multifacética de estas razas únicas y proporcionan un modelo valioso para esfuerzos más amplios en la conservación de la biodiversidad y la gestión del patrimonio cultural dentro de este contexto peculiar.

Financiación

La presente investigación se llevó a cabo durante el periodo de cobertura de un Contrato Postdoctoral Ramón y Cajal con la referencia MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea "NextGenerationEU"/PRTR.

Reconocimientos

Los autores expresan su sincero agradecimiento a la Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí y Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya por su inestimable apoyo y colaboración en la publicación de ideas y datos esenciales que finalmente se utilizaron para este estudio. El compromiso y dedicación de estas organizaciones a la preservación y promoción de las razas caninas en las Islas Baleares han enriquecido significativamente la investigación, permitiendo su comprensión integral y permitiendo la evaluación de la dinámica genética y los patrones evolutivos de las razas y grupos de razas presentes en el archipiélago. Su experiencia y contribuciones han sido fundamentales para avanzar en nuestro conocimiento de las poblaciones de razas, lo que refleja su profundo compromiso con la conservación y el bienestar de estas razas caninas únicas.

Referencias

1. Cervantes, F.A.; Castañeda, M. Efecto genético del aislamiento geográfico de la liebre negra (*Lepus insularis*), endémica de Isla Espíritu Santo, Baja California Sur, México. *Therya* **2012**, *3*, 151-171.
2. Mujica, F.; Obreque, V.; Hinrichsen, P.; Cothran, G. Recuperación, conservación y caracterización del caballo chilote. *Agro Sur* **2005**, *33*, 58-67.
3. Alfranca, I.S. El concepto de raza: evolución y realidad. *Arch. Zootec.* **2001**, *50*, 547-564.
4. Valera Córdoba, M.M.; Vázquez González, I.; Fernández Martín, J. Programa de conservación ex situ. La conservación de la diversidad de razas autóctonas de Andalucía. *Patrimonio ganadero andaluz*. Vol III 2007.

5. Tibaduiza Castañeda, L.P.; Jiménez Sabogal, H.R.; Rugeles Barandica, L.A.; Cañar Serna, D.Y.; González Almario, C.; Azcárate Rodríguez, S.; Manrique Perdomo, C.; Grajales Lombana, H.A.; Lucero Casanova, C.E.; Telo da Gama, L. Recursos zoogenéticos: conservación, caracterización y gestión de su biodiversidad. 2021.
6. Pérez de Muniaín Ortigosa, A. Actualidad en la gestión de las razas autóctonas en Navarra. *Naturzale. Cuadernos de Ciencias Naturales* **2004**, 49-61.
7. León Gaudó, E.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M. Reglamentos y recomendaciones de cría canina en diferentes razas: ejemplos nacionales e internacionales.
8. Sanz, I.G. Plan De Desarrollo Del Programa Nacional De Conservación, Mejora Y Fomento De Las Razas Ganaderas. *Profesión veterinaria* **2009**, 16, 24-33.
9. García, J.L. Los registros son el fundamento de una administración eficiente. Available online: (accessed on
10. Dunner, S.; Cañón, J. Origen y diversidad de la especie canina. *Canis et Felis* **2014**, 130, 18-26.
11. Beuk, S.; Melero, S.; Sastre, M. El secreto del Pedigrí. Universidad Autónoma de Barcelona. Barcelona, Spain 2013, 1.
12. Driver, J. Recognizing Race. *Colum. L. Rev.* **2012**, 112, 404.
13. Barbosa Mireles, M.A.; López Islas, R.J. *Zootecnia de Perros y Gatos* (2004).
14. Reza, J. Nuevo diagnostico de necesidades de capacitacion y aperndizaje en las organizaciones; Panorama Editorial: Mexico Clty, Mexico, 2006.
15. Casanova, D.; Andere, C.; Rodríguez, E.; Bergonzelli, P. Argentine genetic evaluation. Results of bull performance. In *Performance Recording of Animals-State of the Art*, 2004; Wageningen Academic: 2005; pp. 185-194.
16. Rodero, E.; Herrera, M. El concepto de raza. Un enfoque epistemológico. *Arch. Zootec.* **2000**, 49, 5-16.

**CAPÍTULO 2. ANÁLISIS DE LAS RELACIONES ENTRE
LOS REGISTROS CENSALES DEL LIBRO GENEALÓGICO
Y LOS CENSOS DE CRIADORES Y PROPIETARIOS DE
RAZAS CANINAS DE BALEARES**

2.1 El papel crucial de las asociaciones de criadores y propietarios de perros en la salvaguarda del patrimonio genético de las razas caninas baleares en peligro de extinción: Preferencia de sexo y adscripción registral

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza ², Carmen Marín Navas ³, Juan Vicente Delgado Bermejo ³ y Francisco Javier Navas González ^{3*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural Govern Illes Balears, 07009 Palma, España.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, España.

³ Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.

Información sobre el indicador de calidad de la publicación

*Información más reciente disponible (2022)

Estado del manuscrito: Enviado

Revista (año, volumen, páginas): ANIMALS

Base de datos internacional en la que está indexada: Journal of Citation Reports (JCR)

Área temática en la base de datos de referencia: Ciencias Veterinarias

Índice de impacto de la revista en el año de publicación del artículo: 3

Clasificación/número de revistas en el área temática: 13/143 (Q1)

Resumen

Este estudio profundiza en las complejas relaciones entre las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares y sus homólogos humanos, concretamente criadores y propietarios. Utilizando el análisis de correlación canónica, la investigación examina variables como los registros de razas y el número de criadores/propietarios, descubriendo correlaciones significativas dentro de los registros del libro genealógico. Por ejemplo, un aumento en los registros auxiliares de hembras corresponde a una disminución en los registros fundacionales, lo que indica cambios en la dinámica de la documentación de la raza. Del mismo modo, un aumento en los registros definitivos de hembras coincide con una disminución en los registros fundacionales de hembras, lo que sugiere una mayor conciencia del pedigrí a través de las generaciones. Más allá de los registros, el estudio explora la correlación entre los criadores/propietarios y varios registros iniciales, destacando que un aumento notable de los criadores influye positivamente en los registros iniciales, los totales definitivos y los recuentos generales, lo que subraya su papel crucial en las primeras etapas de la raza. Se observan preferencias de género en las inscripciones, con un sesgo histórico hacia las inscripciones de hembras durante las etapas fundacionales que se desplaza gradualmente a favor de los machos en las inscripciones definitivas. En conclusión, la investigación subraya los roles interconectados de los criadores, los propietarios y los registros integrales en la preservación de la diversidad genética entre las razas de perros de baleares, enfatizando la necesidad de esfuerzos continuos para abordar las brechas en los datos genealógicos para una comprensión más precisa de la dinámica de la raza.

Palabras claves

Asociaciones de Criadores; participación del dueño del perro; Preservación del Patrimonio Genético; Análisis de Correlación Canónica; Registros de razas; conocimiento del Pedigrí; Preferencias de género.

Introducción

Las intrincadas relaciones entre las razas de perros autóctonas de las Islas Baleares y sus homólogos humanos, concretamente criadores y propietarios constituyen un tema de investigación científica de obligado cumplimiento. Este estudio emplea el Análisis de Correlación Canónica como una herramienta analítica robusta para profundizar en factores matizados como los registros de razas y la representación numérica de los criadores/propietarios. A través de un examen meticuloso, la investigación revela correlaciones intrigantes dentro de los registros de razas, proporcionando información sobre la dinámica evolutiva en la documentación de las razas.

Surge un hallazgo esencial sobre el impacto de los registros auxiliares de hembras en los registros fundacionales, lo que indica un cambio transformador en las prácticas de documentación de las razas. Además, el estudio subraya el importante papel de los criadores, haciendo hincapié en su influencia en los registros iniciales, los recuentos definitivos totales y la trayectoria general de una raza en sus primeras etapas. Se exploran las preferencias de género en los registros, revelando sesgos históricos que evolucionan con el tiempo, reflejando cambios sociales más amplios.

La diversificación de los registros del libro genealógico en categorías fundacionales, de nacimiento, auxiliares y definitivas tiene una importancia primordial en la documentación y preservación exhaustivas de las razas de perros. El registro fundacional captura las entradas iniciales durante el inicio de una raza, sirviendo como base para la diversidad genética. Los registros de nacimiento marcan la introducción de nuevas generaciones, proporcionando una instantánea dinámica de la evolución de una raza. Los registros auxiliares desempeñan un papel crucial al dar cabida a animales con genealogía desconocida, lo que garantiza la flexibilidad en la incorporación de diversos linajes. El registro definitivo, por otro lado, significa una confirmación meticulosa del pedigrí de un perro, ofreciendo un repositorio confiable de información ancestral. Esta estratificación permite una comprensión matizada de la dinámica de la raza, el linaje genético y los cambios históricos en las preferencias, lo que ayuda a criadores, investigadores y entusiastas por igual. Al reconocer las distintas funciones de cada tipo de registro, los libros genealógicos contribuyen significativamente a la

preservación del patrimonio genético y a la gestión sostenible de las razas caninas a lo largo del tiempo.

En el contexto más amplio de las ciencias sociales, esta investigación amplía su alcance para enfatizar el papel fundamental de las asociaciones de criadores [1] Estas asociaciones, que sirven como centros de conocimientos y foros comunitarios, contribuyen no sólo a la comprensión de la diversidad genética, sino también al panorama sociocultural más amplio. Los esfuerzos de colaboración de los criadores dentro de estas asociaciones dan forma a las perspectivas culturales y las actitudes sociales hacia las razas de perros autóctonas, presentando un enfoque multidimensional para la preservación de la raza.

Es importante destacar que este estudio profundiza en la importancia más amplia de preservar las razas caninas en peligro de extinción [2]. Más allá de la diversidad genética destacada en el estudio, estas razas han desempeñado un papel crucial en las sociedades humanas desde su domesticación [3] Muchos de estos perros han sido parte integral de diversas actividades humanas, como la caza [4] el pastoreo [5], compañerismo [6] Reconocer los roles históricos y funcionales de estas razas agrega una capa de urgencia a su conservación. La preservación de estas razas no se trata solo de salvaguardar la diversidad genética, sino también de garantizar la continuación de funciones profundamente entrelazadas con la historia y la cultura humanas.

El presente artículo contribuye al discurso sobre la conservación de las razas caninas de baleares en peligro de extinción, tendiendo puentes entre las perspectivas genéticas y de las ciencias sociales. Al destacar la interconexión de los criadores, los propietarios y el contexto social más amplio, esta investigación subraya la necesidad de realizar esfuerzos integrales para abordar las lagunas en los datos genealógicos. En última instancia, este estudio tiene como objetivo mejorar nuestra comprensión de las intrincadas dinámicas que dan forma a la preservación del patrimonio biológico y cultural en el contexto de las razas de perros en peligro de extinción, enfatizando su importancia histórica y funcional en las sociedades humanas.

Materiales y Métodos

Muestra

Entre las poblaciones evaluadas se encuentran el Ca de Conills, el Podenco Ibicenco, el Ca de Bou, el Ca de Bestiar, el Ca Rater Mallorquín y Ca Mè Mallorquín, cada una asociada a organizaciones específicas de criadores. Se evaluaron aspectos como la participación de las razas en actividades de ocio con mascotas, el uso primario (que va desde la caza/rateo hasta la vigilancia/pastoreo) y el tipo de clasificación (Agrupación racial o Razas Puras). Se proporcionan datos numéricos para varias categorías de registros, incluidos los registros fundacionales, auxiliar de nacimiento, auxiliares, definitivo de nacimiento y definitivos, segmentados en hembras y machos. Además, se consideró que los recuentos totales de animales de todos los géneros y registros dentro del libro genealógico, los propietarios y los criadores asociados con cada raza, proporcionaban una base integral para una exploración matizada de la intrincada dinámica entre las razas de perros autóctonas y sus compañeros humanos en las Islas Baleares (Tabla 1).

Análisis estadístico

Supuestos a priori

El análisis de correlación canónica regularizada (RCCA) se basa en el supuesto de linealidad, lo que implica una relación lineal entre las variables canónicas y cada conjunto de variables. Para que el RCCA proporcione inferencias válidas, deben satisfacerse tres supuestos clave [7] En primer lugar, al igual que otras estadísticas de prueba multivariante, la RCCA requiere que las variables sigan una distribución normal multivariante en la población, que es la contraparte multivariante de la distribución normal bivariante. Las distribuciones multivariadas pueden desviarse de la normalidad incluso si las distribuciones univariante o bivariante son normales. Es importante tener en cuenta que con un tamaño de muestra grande ($n > 1000$), la prueba de Kolmogorov-Smirnov se vuelve altamente sensible y los gráficos de normalidad deben evaluarse simultáneamente. La prueba de Shapiro-Wilk se

recomienda para evaluar la normalidad, especialmente para tamaños de muestra superiores a 5000 [8] En este estudio, la normalidad se evaluó mediante la prueba de Shapiro-Wilk, revelando una distribución no normal tanto para los parámetros de los diferentes registros del libro genealógico como para las variables relacionadas con los criadores y los propietarios. A pesar de ello, la prueba de D'Agostino-Pearson indicó que los datos habían sido muestreados de una población distribuida normalmente ($P > 0.05$). Vale la pena mencionar que RCCA no se basa en gran medida en supuestos de normalidad; en cambio, enfatiza que la magnitud de los coeficientes en la matriz de correlación no debe verse afectada por grandes diferencias en las distribuciones de las variables.

En segundo lugar, es necesario comprobar la hipótesis de homocedasticidad [9] Para ello se empleó la prueba de Levene, y como no se cumplía la homocedasticidad ($P < 0,05$), se optó por pruebas de permutación para la inferencia de correlaciones canónicas, siguiendo la recomendación de Winkler [10]

En tercer lugar, se requiere un tamaño de muestra grande para el análisis de correlación canónica [9] Algunos autores sugieren un mínimo de diez casos por variable, aunque este requerimiento puede disminuir a medida que crece el tamaño de la muestra [11]

También se deben considerar la multicolinealidad y las relaciones curvilíneas. La multicolinealidad, el fenómeno en el que una variable es casi un promedio ponderado de otras, y la singularidad, una relación exacta entre variables, pueden afectar los resultados de RCCA. La multicolinealidad se evaluó mediante el factor de inflación de varianza (VIF), con un VIF máximo recomendado de 5 [12] En este estudio, se utilizó la función estadística de multicolinealidad de XLSTAT 2014 para calcular VIF.

Análisis de Correlación Canónica Generalizada Regularizada (RCCA)

El RCCA se llevó a cabo utilizando la función de análisis de correlación canónica en XLSTAT 2014.5.03 y la sintaxis de SPSS MANOVA. Este análisis implica la regularización de matrices de covarianza entre dos conjuntos de variables: un censo por conjunto de registros que comprende censos totales, machos y hembras por raza en todos los registros

del libro genealógico (Registro Fundacional, Registro de Nacimientos Auxiliar, Registro Auxiliar, Registro Definitivo de nacimiento y Registro Definitivo) de cada raza (X) y un conjunto de miembros oficiales que comprende el número de miembros que actúan como propietarios y/o criadores en cada caso particular (Y) sumando un múltiplo de la matriz de identidad (Id): $Cov(X) + \lambda_1 Id$ y $Cov(Z) + \lambda_2 Id$. La regularización tiene como objetivo reducir la dimensionalidad de los datos. El análisis de correlación canónica regularizada se realizó utilizando el paquete CCorA en XLSTAT 2014.5.03. El paquete CCorA dentro de XLSTAT facilita el examen de asociaciones lineales entre dos conjuntos de variables, ofreciendo información sobre los patrones subyacentes y las interdependencias. Se estimó el coeficiente de correlación producto-momento de Pearson entre las variables de ambos conjuntos mediante un procedimiento bivariado del paquete Correlate de SPSS Statistics for Windows, Versión 24.0, IBM Corp. [13] para evitar la multicolinealidad severa o dependencia lineal entre varias variables, con el objetivo de excluir aquellas con coeficientes de correlación múltiple superiores a 0,80 según Montgomery, et al. [14]

Validez

Para establecer la validez del RCCA se empleó el criterio de traza de Pillai, que es un estadístico de prueba MANOVA que va de 0 a 1. Un trazo de Pillai más alto indica una relación lineal estadísticamente significativa más fuerte entre los dos grupos de variables. En este estudio, la traza de Pillai fue altamente significativo ($P < 0,01$), confirmando la validez del RCCA.

Explicación de la variabilidad

Se calcularon valores propios para determinar la proporción de varianza en las variables canónicas explicadas por correlaciones canónicas. El valor propio más grande corresponde a la primera correlación canónica, y los valores propios posteriores disminuyen de tamaño. Las correlaciones canónicas, que oscilaron entre -1 y 1, se interpretaron en

función de su magnitud. Las correlaciones canónicas $\geq 0,30$ se consideraron significativas, explicando alrededor del 10% de la varianza.

Se utilizaron coeficientes de redundancia para evaluar cuánta variabilidad en las variables de entrada predecían las variables canónicas. Estos coeficientes indican correlaciones entre las variables de entrada y las variables canónicas, lo que ayuda a comprender sus relaciones.

Las raíces, que representan el rango de los valores propios, se utilizaron para probar la hipótesis nula de que todas las correlaciones asociadas con las raíces eran cero. Se empleó la lambda de Wilks para probar la vinculación de las variables canónicas a las tablas de correlación.

Análisis de correlación canónica k-fold Validación cruzada

Se realizó una validación cruzada de diez veces para evaluar la validez y reducir el error específico de la muestra. En este procedimiento, la muestra se dividió aleatoriamente en k submuestras, y el modelo se entrenó y validó en diferentes submuestras. Los coeficientes de validación cruzada coincidieron con los valores lambda de Wilk, confirmando la validez del análisis. Los parámetros de regularización (λ_1 y λ_2) se seleccionaron a través de la función `tune.rcc` utilizando una búsqueda en cuadrícula, lo que dio como resultado valores óptimos ($\lambda_1 = 0,001$ y $\lambda_2 = 0,750$). La elección de las dimensiones (d) se basó en un enfoque empírico, considerando una brecha entre la 1ª y la 2ª correlaciones canónicas, lo que llevó a la inclusión de las dos primeras dimensiones en un análisis posterior.

Resultados

En la Tabla 1 se proporcionaron estadísticas descriptivas para los dos conjuntos de variables: un censo por conjunto de registros que comprende el total, los censos de machos y hembras por raza en todos los registros del libro genealógico (Registro Fundacional, Registro

Auxiliar de Nacimientos, Registro Auxiliar, Registro Definitivo de Nacimientos y Registro Definitivo) de cada raza y un conjunto de miembros oficiales que comprende el número de miembros que actúan como propietarios y/o criadores en cada caso particular. El análisis de multicolinealidad indicó que no se debe descartar ninguna variable debido a redundancias ($VIF \geq 5$).

Se calcularon las correlaciones producto-momento de Pearson (Tabla Suplementaria S1), revelando relaciones lineales entre el censo por conjunto de registro y el conjunto de miembros oficiales. En general, se observaron correlaciones débiles a moderadas.

El criterio de traza de Pillai fue altamente significativo ($P < 0,01$), lo que indica la validez de RCCA. La primera variable canónica (F1) por sí sola explicó el 50,00% de la variabilidad en ambos conjuntos de datos.

Se encontró una correlación canónica de 1 indicativa de una correlación perfecta entre los dos conjuntos de variables. Esto implica no solo el hecho de que a medida que aumenta el número de propietarios y criadores, también lo hace el número de perros en los registros, sino también que se sigue el mismo tono, lo que significa que cada criador propietario puede contribuir al registro de un solo animal. Los coeficientes de redundancia miden la proporción de varianza en un conjunto de variables que puede explicarse por el otro conjunto de variables. En este caso, un coeficiente de redundancia de 0,637 para la función 1 y de 0,363 para la función 2 indica que el 63,7% de la varianza en la función 1 puede explicarse por el otro conjunto de variables, mientras que el 36,3% de la varianza en la función 2 puede explicarse por el otro conjunto de variables 1.

En el análisis de correlación canónica, se utilizan coeficientes canónicos estandarizados y cargas para medir la fuerza y la dirección de la relación entre las variables de cada conjunto. Los coeficientes canónicos estandarizados indican el grado en que cada variable contribuye a la variable latente. Las cargas canónicas estandarizadas indican la fuerza y direccionalidad de la relación entre la variable medida y la variable latente. Las cargas canónicas estandarizadas se informan en la Figura 1, mientras que los coeficientes canónicos estandarizados se informan en la Figura 2.

Tabla 1. Estadística descriptiva del censo por conjunto registral que comprende censos totales, machos y hembras por raza en todos los registros del libro genealógico (Registro Fundacional, Registro Auxiliar Nacimientos, Registro Auxiliar, Registro Definitivo de Nacimientos y Registro Definitivo) de cada raza y un conjunto de miembros oficiales que comprende el número de miembros que actúan como propietarios y/o criadores en cada caso particular.

Configuración	Género	Variable	Mínimo	Máximo	Media	Desviación Estándar
Censo por registro	Hembras	Registro Fundacional	129,000	1114,000	463,000	401,998
		Registro Auxiliar de Nacimiento	23,000	23,000	23,000	0,000
		Registro Auxiliar	60,000	98,000	79,000	12,017
		Registro Definitivo de Nacimiento	2,000	2,000	2,000	0,000
		Registro Definitivo	19,000	162,000	90,500	45,221
	Machos	Registro Fundacional	96,000	1005,000	298,333	353,799
		Registro Auxiliar de Nacimiento	7,000	7,000	7,000	0,000
		Registro Auxiliar	5,000	93,000	49,000	27,828
		Registro Definitivo de Nacimiento	0,000	0,000	0,000	0,000
		Registro Definitivo	1,000	154,000	77,500	48,383
Total	Total	Registro Fundacional	243,000	2119,000	850,400	679,306
		Registro Auxiliar de Nacimiento	30,000	30,000	30,000	0,000
		Registro Auxiliar	65,000	316,000	190,667	79,373
		Registro Definitivo de Nacimiento	2,000	2,000	2,000	0,000
		Registro Definitivo	20,000	2119,000	777,250	721,341
	Total	243,000	2119,000	812,667	699,519	
Miembros Oficiales	Número	Propietarios	38,000	359,000	225,333	132,539
		Criadores	20,000	86,000	50,600	21,814

Tabla Suplementaria S1. Matriz de correlaciones producto-momento de Pearson entre dos conjuntos de variables: un censo por conjunto de registros que comprende censos totales, de machos y hembras por raza en todos los registros del libro genealógico (Registro fundamental, Registro auxiliar de nacimiento, Registro auxiliar, Registro Definitivo de Nacimiento y Registro definitivo) de cada uno. raza (AZUL) y un conjunto de miembros oficiales que comprende el número de miembros que actúan como propietarios y/o criadores en cada caso particular (MORADO). Al valor de las correlaciones producto-momento de Pearson se les asigna un código de color que va del rojo (valores más bajos) al verde (valores más altos).

Variables		Hembras				Machos					Total					Número de			
		Registro Fundacional	Registro Auxiliar de Nacimientos	Registro Auxiliar	Registro Definitivo de Nacimientos	Registro Definitivo	Registro Fundacional	Registro Auxiliar de Nacimientos	Registro Auxiliar	Registro Definitivo de Nacimientos	Registro Definitivo	Registro Fundacional	Registro Auxiliar de Nacimientos	Registro Auxiliar	Registro Definitivo de Nacimientos	Registro Definitivo	Total	Propietarios	Criadores
Hembras	Registro Fundacional	1	0,000	-0,500	0,000	-0,500	0,781	0,000	-0,500	0,000	-0,500	0,904	0,000	-0,455	0,000	0,533	0,957	0,412	0,807
	Registro Auxiliar de Nacimientos		1	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	Registro Auxiliar			1	0,000	1,000	0,028	0,000	1,000	0,000	1,000	-0,281	0,000	0,502	0,000	0,130	-0,240	0,208	-0,444
	Registro Definitivo de Nacimientos				1	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000
	Registro Definitivo					1	0,028	0,000	1,000	0,000	1,000	-0,281	0,000	0,502	0,000	0,130	-0,240	0,208	-0,444
Machos	Registro Fundacional					1	0,000	0,028	0,000	0,028	0,893	0,000	-0,024	0,000	0,899	0,916	0,483	0,834	
	Registro Auxiliar de Nacimientos						1	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
	Registro Auxiliar							1	0,000	1,000	-0,281	0,000	0,502	0,000	0,130	-0,240	0,208	-0,444	
	Registro Definitivo de Nacimientos								1	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
Total	Registro Definitivo									1	-0,281	0,000	0,502	0,000	0,130	-0,240	0,208	-0,444	
	Total del Registro Fundacional										1	0,000	-0,033	0,000	0,784	0,932	0,273	0,864	
	Registro Auxiliar de Nacimientos											1	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	
	Registro Auxiliar												1	0,000	0,332	-0,326	-0,457	-0,097	
	Registro Definitivo de Nacimientos													1	0,000	0,000	0,000	0,000	
Número de	Registro Definitivo														1	0,691	0,127	0,768	
	Total															1	0,520	0,809	
	Propietarios																1	0,274	
	Criadores																	1	

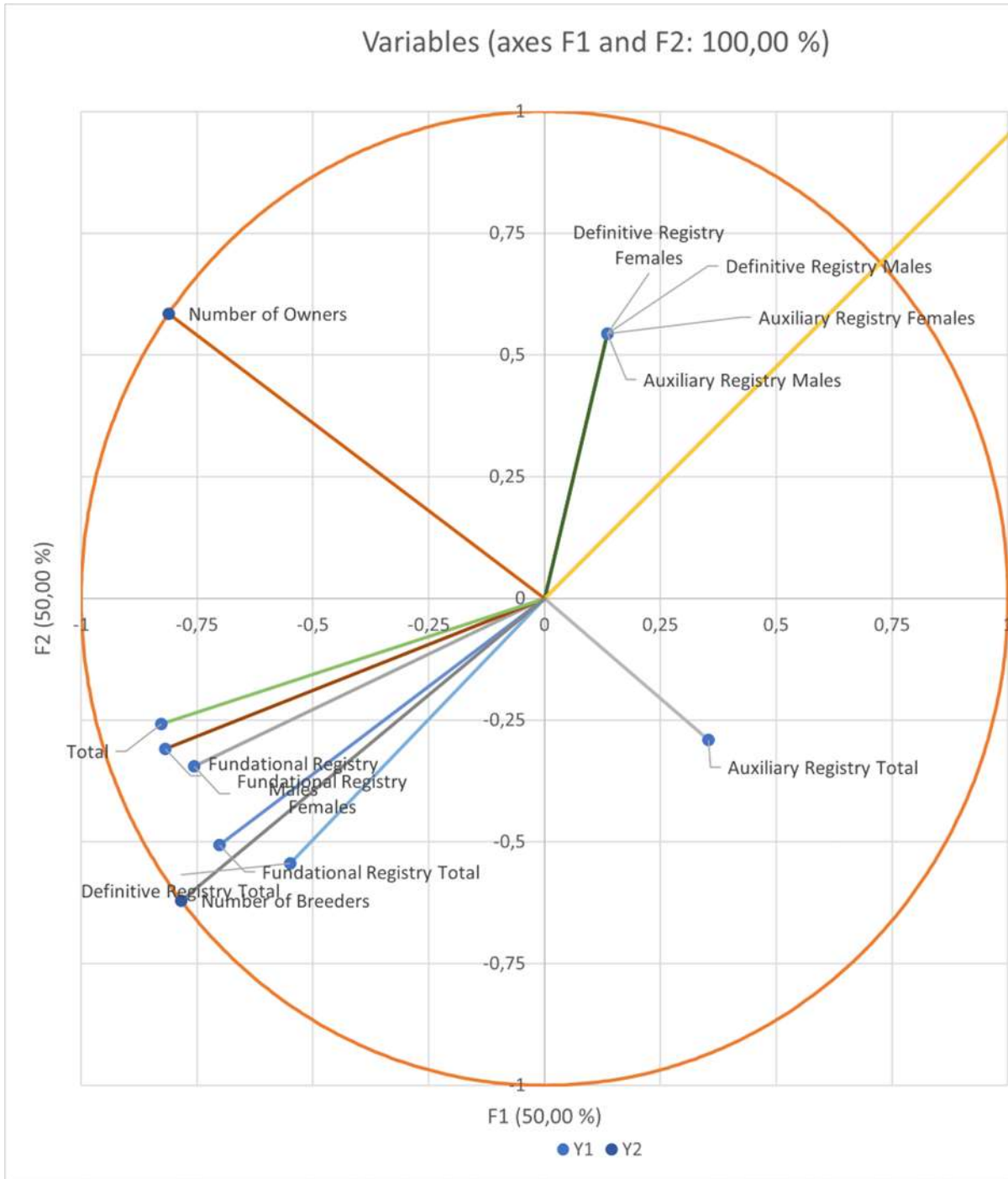


Figura 1. Cargas canónicas estandarizadas para el censo por conjunto de registro y el conjunto de miembros oficiales

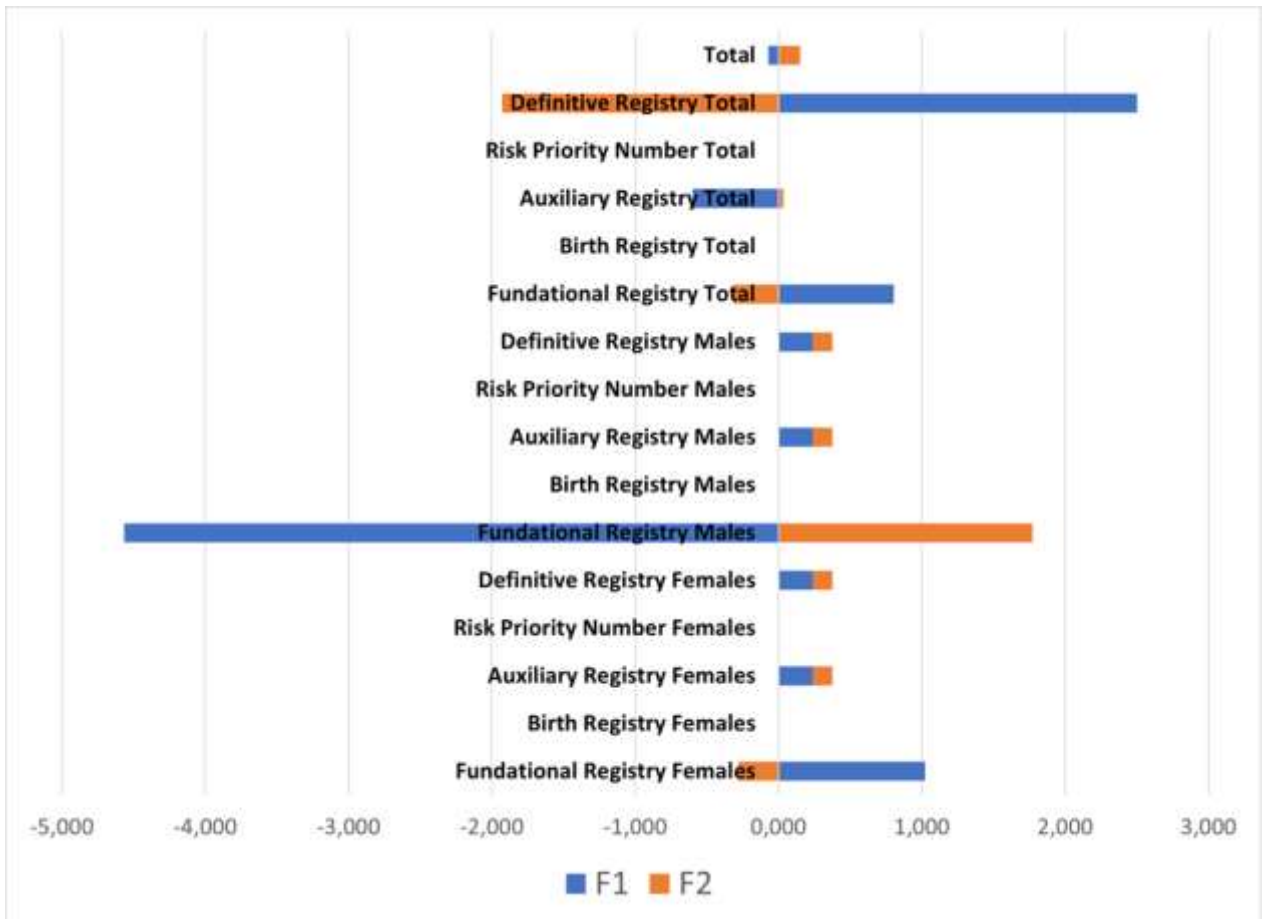


Figura 2. Coeficientes canónicos estandarizados para el censo por conjunto de registro y el conjunto de miembros oficiales.

Los resultados lambda y R2 de Wilks indicaron la significación de todas las variables, y la generalización multivariada de R2 destacó los factores que contribuyen al potencial explicativo del censo por registro y los datos de los miembros criadores/propietarios oficiales.

La validación cruzada de diez veces confirmó la validez de la RCCA. Se seleccionaron los parámetros óptimos de regularización y el análisis incluyó las dos primeras dimensiones, explicando el 100,00% de la varianza.

La Figura 3 muestra los resultados de la validación cruzada de diez veces, con coeficientes que coinciden con los valores lambda de Wilk. Parámetros óptimos de regularización ($\lambda_1 = 0,001$ y $\lambda_2 = 0,750$). se seleccionaron a través de la búsqueda en cuadrícula (Figura 3).

El estudio concluyó que el RCCA proporcionó un análisis válido de la relación entre los diferentes registros del libro genealógico y las variables relacionadas con los criadores y los propietarios. El proceso de regularización redujo la dimensionalidad, y las dos primeras dimensiones explicaron una parte sustancial de la varianza.

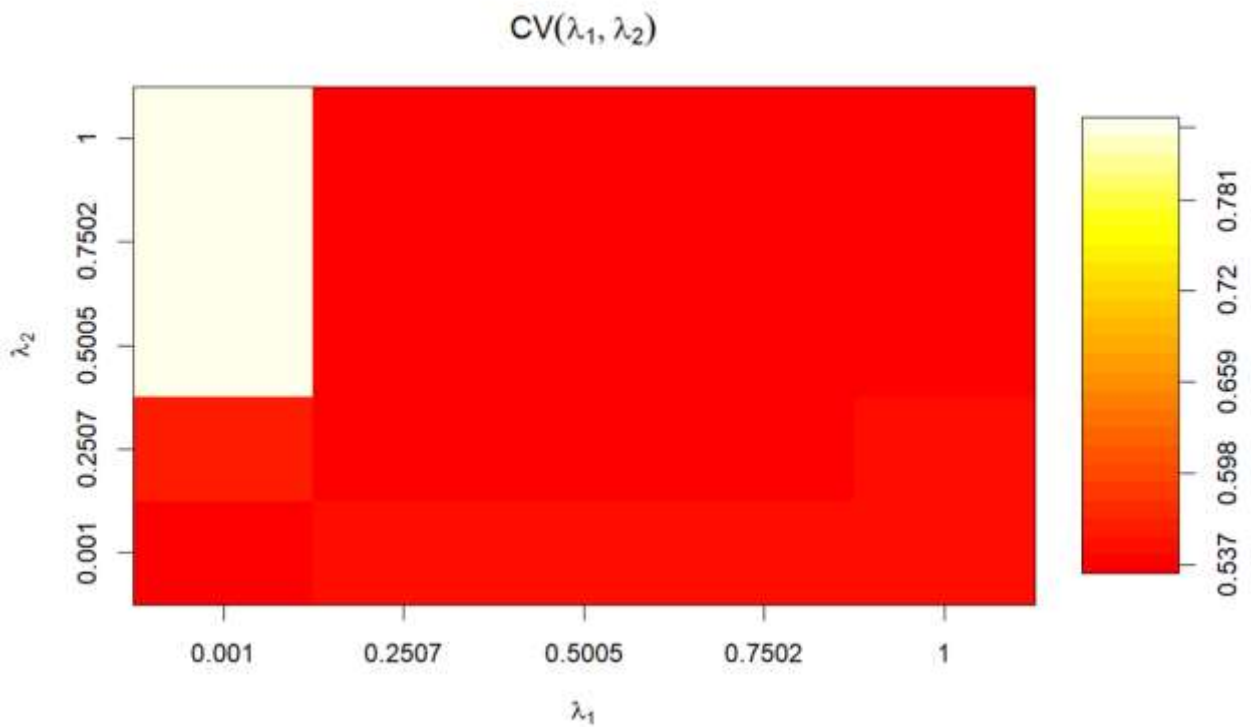


Figura 3. Parámetros óptimos de regularización ($\lambda_1 = 0,001$ y $\lambda_2 = 0,750$) seleccionados a través de la búsqueda en cuadrícula.

Discusión

La discusión de las correlaciones dentro del primer grupo de variables de registros revela patrones significativos. Un aumento en el registro auxiliar de hembras corresponde a una disminución de dos veces en el registro fundacional de hembras. Este fenómeno se atribuye al cierre de los registros fundacionales y a la apertura de registros auxiliares, lo que permite la inclusión de animales en los registros genealógicos sin pedigrí conocido, particularmente notable en los registros de machos. A medida que comienzan los registros, hay un período durante el cual los registros fundacionales permanecen abiertos para los

especímenes machos y hembras que se han sometido a la confirmación de la raza. Posteriormente, se cierran los registros fundacionales, y las inscripciones en este registro persisten durante toda la vida del animal [15] Además, un aumento en los registros definitivos de hembras da como resultado una disminución del doble en los registros fundacionales de hembras, lo que se correlaciona con una mayor conciencia de los pedigríes en las generaciones posteriores. El desinterés histórico por los pedigríes, con escasos detalles sobre la paternidad, cambió a medida que crecía el interés por las exposiciones caninas y los detalles precisos de los registros, lo que llevó al desarrollo de registros genealógicos con información ancestral detallada [16]

Además, existe una correlación notable dentro de la primera variable: a medida que aumenta el registro fundacional de hembras, el registro definitivo total y el recuento general de animales aumentan en una proporción de 1:0,533 y 1:0,957, respectivamente. Esto sugiere la importancia de un registro fundacional robusto de las hembras en la construcción de un número sustancial de animales con información genealógica detallada. En la conferencia de Jerold S. Bell [17] sobre "Endogamia, consanguinidad y evolución de las razas" en 2013 subraya que el registro genealógico en las primeras etapas de una raza puede incluir individuos de ascendencia desconocida o aquellos que se ajustan a los estándares conformacionales o de trabajo de la raza. Estos individuos sirven como el tronco fundamental de la raza, y a medida que el registro genealógico continúa, el conocimiento de los pedigríes aumenta.

Además, el estudio observa una correlación intrigante durante el período en que se abrieron los registros fundacionales, lo que indica una preferencia por las hembras. Por el contrario, Diverio, Boccini, et al. [18] revelan en su artículo que la mayoría de los hombres italianos prefieren perros machos intactos. A medida que aumenta el registro auxiliar de hembras, se produce un aumento proporcional en el registro definitivo de hembras, así como en los registros auxiliares y definitivos de machos. Esto sugiere que un mayor número de registros de hembras, independientemente de la categoría, conduce a registros con un conocimiento más amplio de la genealogía, particularmente en los registros definitivos. Los resultados del estudio coinciden con las observaciones de Alanzor Puente, et al. [19] que señalan que, debido a los intervalos generacionales, los perros macho con funcionalidad de guarda son preferidos a las hembras.

Si nos centramos en la segunda variable, propietarios y criadores, se observa una débil correlación. A medida que aumentan los criadores y los propietarios, aumentan todos los registros iniciales, el registro definitivo total y el recuento global de animales, y los criadores muestran casi el doble de impacto que los propietarios. Esta discrepancia puede explicarse por la activa participación de los criadores en las primeras fases de los programas de cría, cuando se abren los registros fundacionales. A este respecto, los criadores, que en su mayoría forman las asociaciones de razas, desempeñan un papel destacado en el registro genealógico, ya que son los primeros en registrar sus especímenes. La proporción de registros de machos y hembras favorece ligeramente a los machos, tanto para los propietarios como para los criadores, con una duplicación a favor de los criadores. Una disminución de los criadores conlleva un aumento a la mitad de todos los registros auxiliares y definitivos, tendencia que no se observa con los propietarios. Esta variación podría atribuirse a diferencias de interés en cuanto a conocimientos genealógicos entre criadores y propietarios.

El análisis de la correlación entre la primera y la segunda función revela una proporción equilibrada de 1:1. Por consiguiente, un aumento del número de criadores y propietarios se traduce en un aumento proporcional del número de animales en los distintos registros. El análisis subraya que cada función o variable explica el 50% de la variabilidad entre las funciones, las diferentes categorías de registros genealógicos y la dinámica propietarios-criadores. En el amplio contexto de los estudios anteriores, estos resultados enriquecen nuestra comprensión de la dinámica dentro de los registros genealógicos y las funciones de los criadores, propietarios y diferentes tipos de registro. Las correlaciones observadas coinciden con los cambios históricos en el interés y las prácticas en torno a los registros genealógicos. El cierre de los registros fundacionales y el posterior aumento de los registros auxiliares ilustran la naturaleza evolutiva de las prácticas de registro, que reflejan los cambios en las estrategias de cría y la creciente importancia concedida a los pedigrís.

La significativa correlación entre el aumento de los registros definitivos de hembras y el descenso de los registros fundacionales sugiere una evolución del énfasis en el conocimiento del pedigrí a lo largo de las generaciones. Esto refleja tendencias más amplias en las comunidades de criadores de perros, donde el creciente aprecio por la información precisa

sobre el pedigrí coincide con el auge de las exposiciones caninas y el mayor interés por los estándares de las razas. Las conclusiones del estudio aportan valiosas ideas sobre la transformación de las actitudes hacia el registro documental de las genealogías.

Además, la relación proporcional entre el registro fundacional de hembras y el posterior aumento del total de registros definitivos y del recuento global de animales pone de manifiesto el impacto duradero de los registros fundacionales. Esto pone de relieve el legado perdurable de los registros iniciales o fundacionales bien documentados, lo que indica que un comienzo sólido en el mantenimiento de registros puede dar lugar a una gran cantidad de información genealógica detallada a lo largo del tiempo. Estas conclusiones, derivadas del análisis de correlación, tienen implicaciones para la conservación de la raza y las estrategias de gestión, enfatizando la importancia de unos registros iniciales meticulosos.

Las preferencias observadas por las inscripciones de hembras durante el periodo de inscripción fundacional concuerdan con las prácticas históricas, proporcionando una comprensión matizada de las preferencias de género entre criadores y propietarios. El aumento proporcional de las inscripciones definitivas, tanto de hembras como de machos, a medida que aumenta la inscripción auxiliar de hembras, apunta a un esfuerzo colectivo por mejorar el conocimiento genealógico. Este hallazgo sugiere que, independientemente de las preferencias de género durante las inscripciones iniciales, la atención se desplaza hacia la información genealógica exhaustiva en las fases de inscripción posteriores.

Por lo que respecta a la segunda variable, la correlación entre criadores y propietarios y su influencia en las inscripciones proporciona información valiosa sobre las primeras fases de los programas de cría. El predominio de los criadores a la hora de influir en las inscripciones iniciales pone de relieve su papel fundamental en la configuración de los registros genealógicos. Las preferencias de género observadas entre criadores y propietarios contribuyen aún más a nuestra comprensión de la intrincada dinámica de las asociaciones de criadores.

Estos resultados ofrecen una perspectiva matizada sobre la evolución de las prácticas de registro genealógico y el papel de los criadores y propietarios en la configuración de estos registros. Sus implicaciones se extienden a debates más amplios sobre la conservación de las razas, la gestión de los programas de cría y la evolución de las actitudes hacia la

documentación genealógica. Las futuras líneas de investigación pueden explorar los factores específicos que influyen en las correlaciones observadas, profundizar en las motivaciones de los criadores y propietarios, e investigar las tendencias sociales más amplias que afectan a las prácticas genealógicas en la cría de perros. La intrincada interacción entre las prácticas históricas y los cambios contemporáneos en las actitudes hacia los registros genealógicos sigue siendo un área rica para futuras exploraciones.

Conclusiones

En resumen, el estudio subraya la conexión entre los registros de las razas caninas de baleares y sus titulares, ya sean criadores o propietarios. Destaca el papel crucial de estos registros en el mantenimiento de un libro genealógico que funcione correctamente y en la comprensión del linaje de los ejemplares registrados. El establecimiento de una base sólida en los libros genealógicos necesita registros iniciales o fundacionales exhaustivos. A medida que se cierra el registro fundacional y se cumplen las normas del libro genealógico, los registros definitivos aumentan mientras que los iniciales disminuyen. Se hace hincapié en las hembras de los registros iniciales por su importante papel en la expansión de la raza y en garantizar un mayor número de individuos para las generaciones futuras, algo especialmente importante para las razas en peligro de extinción. El estudio hace hincapié en la contribución esencial de los criadores y los propietarios a la conservación de los recursos genéticos, teniendo los criadores un papel más destacado en los registros fundacionales. Se observa un cambio en la proporción de sexos, que pasa de un mayor número de hembras en los registros iniciales a una ligera tendencia favorable a los machos en los registros finales, una elección en la que influyen tanto los criadores como los propietarios. El estudio identifica una laguna en lo que respecta a las bajas no declaradas de especímenes en los registros genealógicos, por lo que insta a que en futuras investigaciones se aborde esta cuestión para que la asociación pueda mantener censos fiables y actualizados.

Contribuciones de los autores:

Conceptualización, José Manuel Alanzor Puente y Francisco Javier Navas González; Curación de datos, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza y Carmen Marín Navas; Análisis formal, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas y Francisco Javier Navas González; Adquisición de fondos, Águeda Laura Pons Barro y Juan Vicente Delgado Bermejo; Investigación, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas y Francisco Javier Navas González; Metodología, José Manuel Alanzor Puente y Francisco Javier Navas González; Administración del proyecto, Águeda Laura Pons Barro y Juan Vicente Delgado Bermejo; Recursos, Águeda Laura Pons Barro y Juan Vicente Delgado Bermejo; Software, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas y Francisco Javier Navas González; Supervisión, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Validación, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Visualización, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Escritura - borrador original, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza y Francisco Javier Navas González; Escritura - revisión y edición, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. Todos los autores leyeron y estuvieron de acuerdo con la versión publicada del manuscrito.

Financiación

La presente investigación se llevó a cabo durante el periodo de cobertura de un Contrato Postdoctoral Ramón y Cajal con la referencia MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea "NextGenerationEU"/PRTR.

Declaración de la Junta de Revisión Institucional

No aplica.

Declaración de consentimiento informado

No aplica.

Declaración de disponibilidad de datos

Los datos se pondrán a disposición del autor correspondiente previa solicitud razonable.

Reconocimientos

Los autores expresan su sincero agradecimiento a la Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí y Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya por su inestimable apoyo y colaboración en la publicación de ideas y datos esenciales que finalmente se utilizaron para este estudio. El compromiso y dedicación de estas organizaciones a la preservación y promoción de las razas caninas en las Islas Baleares han enriquecido significativamente la investigación, permitiendo su comprensión integral y permitiendo la evaluación de la dinámica genética y los patrones evolutivos de las razas y grupos de razas presentes en el archipiélago. Su experiencia y contribuciones han sido fundamentales para avanzar en nuestro conocimiento de las poblaciones de razas, lo que refleja su profundo compromiso con la conservación y el bienestar de estas razas caninas únicas

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses

Referencias

1. Pérez de Muniain Ortigosa, A. Actualidad en la gestión de las razas autóctonas en Navarra. *Naturzale* **2004**, 49-61.

2. Korta Sukia, G.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M.T. Caracterización y situación actual del Perro Pastor Vasco. Final Degree Project, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain.
3. Francis, R.C. *En manos humanas: El papel de la domesticación en la evolución de las especies*; RBA Libros: Barcelona, Spain, 2019.
4. Sánchez Garrido, R. Actividad humana y naturaleza. La práctica cinegética y los usos del medio natural. El caso del parque natural de la Sierra del Carrascal de la Font Roja. University Of Murcia, Department Of Philosophy, Area Of Social Anthropology: Murcia, Spain, 2009.
5. Crabtree, P.J. A Note on the Role of Dogs in Anglo-Saxon Society: Evidence from East Anglia. *Int. J. Osteoarchaeol.* **2015**, *25*, 976-980.
6. Hart, L.A.; Yamamoto, M.; Serpell, J. Chapter 13. Dogs as helping partners and companions for humans. *The Domestic Dog*. Serpell, J. (Eds.) Cambridge University Press: Cambridge, UK, 2017, 247-270.
7. Thompson, C.D. *A complexity theory for VLSI*; Carnegie Mellon University: Pittsburgh, Pensilvania, USA, 1980.
8. Razali, N.M.; Wah, Y.B. Power comparisons of shapiro-wilk, kolmogorov-smirnov, lilliefors and anderson-darling tests. *J. Stat. Model. Anal.* **2011**, *2*, 21-33.
9. Garson, G.D. *Testing statistical assumptions*. G. David Garson and Statistical Associates Publishing: North Carolina State University: Raleigh, North Carolina, USA, 2012.
10. Winkler, A.M.; Renaud, O.; Smith, S.M.; Nichols, T.E. Permutation inference for canonical correlation analysis. *Neuroimage* **2020**, *220*, 117065.
11. Tabachnick, B.G.; Fidell, L.S.; Ullman, J.B. *Using multivariate statistics*; Pearson Boston.: Massachusetts, USA, 2013.
12. Navas, C.M.; Bermejo, J.V.D.; McLean, A.K.; Jurado, J.M.L.; González, F.J.N. Discriminant canonical analysis of the contribution of Spanish and Arabian purebred horses to the genetic diversity and population structure of Hispano-Arabian horses. *Animals* **2021**, *11*.
13. IBM Corp. Released 2017. IBM SPSS Statistics for Windows, Version 25.0. IBM Corp.: Armonk, NY.
14. Montgomery, D.C.; Peck, E.A.; Vining, G.G. *Introduction to linear regression analysis*; John Wiley & Sons: Hoboken, NJ, USA, 2021.
15. Order AYG/1169/2018, of 16 October, approving the specific regulations of the Stud Book of the Leonese Shepherd Dog dog breed. BOCYL of 5 November 2018. Castilla y León, Spain.
16. Kennel Club. Kennel Clubs and Stud Books. Available online: <https://janedogs.com/kennel-clubs-and-stud-books/#the-first-english-stud-book> (accessed on 15/12/2023)
17. Jerold, S. and Bell, D. Inbreeding, Outbreeding, and Breed Evolution. Proceedings of the 6th Tufts' Canine & Feline Breeding & Genetics Conference, 27-29 September, Boston, Massachusetts, 2015.
18. Diverio, S.; Boccini, B.; Menchetti, L.; Bennett, P.C. The Italian perception of the ideal companion dog. *J. Vet. Behav.: Clin. Appl. Res.* **2016**, *12*, 27-35.
19. Alanzor Puente, J.M.; Pons Barro, Á.L.; de la Haba Giraldo, M.R.; Delgado Bermejo, J.V.; Navas González, F.J. Does functionality condition the population structure and genetic diversity of endangered dog breeds under island territorial isolation? *Animals* **2020**, *10*, 1893.

2.2 Análisis Detallado de las Interconexiones entre los Registros Genealógicos de las Razas Caninas en las Islas Baleares

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza ², Carmen Marín Navas ³, Inés Concepción Felipe ³, Juan Vicente Delgado Bermejo ³ y Francisco Javier Navas González ^{3*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural Govern Illes Balears, 07009 Palma, España.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, España.

³ Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.

Información sobre el indicador de calidad que figura en la publicación *Información más reciente disponible (2022)

Estado del manuscrito: Publicado

Revista (año, volumen, páginas): Archivos de Zootecnia, Año 2023, volumen 72, Número 280, paginas 288-293.

Base de datos internacional en la que está indexada: ScimagoJournal & Country Rank (SJR)

Área temática en la base de datos de referencia: *Animal Science and Zoology*

Índice de impacto de la revista en el año de publicación del artículo: 0.17

Clasificación/número de revistas en el área temática: 216/447 (Q4)

Resumen

Este estudio busca evaluar las relaciones dentro de los registros genealógicos de razas caninas autóctonas en peligro de extinción en las Islas Baleares. Utilizando las Correlaciones del Producto-Momento de Pearson y operando dentro del marco legal del Real Decreto 558/2001 alineado con los estándares de la UE para el reconocimiento de criadores de perros de raza pura en España, se revelaron patrones dentro de los registros del libro genealógico. Notablemente, el censo de hembras del registro Fundacional mostró correlaciones positivas sólidas, resaltando la importancia de una base fundacional sólida, especialmente en las hembras, para una consolidación efectiva de la raza. Por otro lado, las correlaciones negativas con registros auxiliares sugieren un papel disminuido cuando la base fundacional es fuerte. El análisis también revela relaciones robustas dentro de los géneros y fuertes correlaciones con censos totales, indicando enfoques sistemáticos de registro. Sorprendentemente, las hembras en el Registro Auxiliar de Nacimientos carecen de correlaciones, sugiriendo una independencia potencial y subrayando el papel crucial de los censos de hembras en la consolidación de la raza. En conclusión, este análisis de correlación ofrece información valiosa sobre la dinámica del registro genealógico, enfatizando la importancia de una base fundacional sólida, especialmente en relación con los censos de hembras, para la exitosa evolución de las poblaciones caninas en peligro hacia razas estandarizadas. Estos hallazgos proporcionan orientación para la gestión de registros genealógicos y justifican una exploración adicional en categorías de registros específicas, con la advertencia de que, si bien la correlación identifica asociaciones, discernir la causalidad requiere una interpretación matizada y conocimientos específicos del dominio.

Palabras claves

Intersección genética; Diversidad canina.; Registros del Libro Genealógico; Islas Baleares; Análisis de correlación.

Introducción

Las Islas Baleares albergan actualmente el mayor repositorio de diversidad genética canina de España, enmarcadas en el contexto de sus parámetros geográficos, históricos y ambientales. Estas islas, situadas en el Mediterráneo, acogen una variada colección de razas de perros. Las narrativas distintivas de cada raza se moldean mediante factores históricos y adaptaciones ambientales. Esta investigación tiene como objetivo ir más allá de los datos convencionales de registros, adoptando un enfoque integral para desentrañar los paisajes genéticos matizados que definen estas razas. El propósito es discernir y elucidar las complejidades genéticas que contribuyen a las características distintivas observadas en estas poblaciones, contribuyendo así a una comprensión más precisa de los fundamentos genéticos de la diversidad canina en este contexto regional específico.

En el ámbito de la conservación canina, nuestra atención se centra especialmente en las razas en peligro de extinción, en las que el delicado equilibrio entre diversidad genética y rasgos funcionales es primordial para la supervivencia. Los esfuerzos de conservación van más allá del ámbito cuantitativo de los números de registro y exigen una comprensión matizada de los atributos funcionales que confieren a estas razas cualidades únicas, perfeccionadas a lo largo de generaciones [1] para servir a fines específicos. En las Islas Baleares, como en otros lugares, la esencia de las razas en peligro de extinción no reside únicamente en su representación genética, sino en la preservación de rasgos distintivos que han resistido la prueba del tiempo.

El Real Decreto 558/2001 [2], promulgado el 25 de mayo, regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura en España. Nace de la necesidad de armonizar los criterios de las razas incluidas en el Tratado de la Comunidad Europea, especialmente de aquellas que carecen de regulación específica. La directiva se ajusta a las normas de la UE, garantizando la conservación, mejora y promoción de las diversas razas caninas.

Nuestra exploración analítica se centra en la significativa importancia de las correlaciones como una herramienta científica que arroja luz sobre las intrincadas relaciones integradas en el marco de los registros genealógicos. Mediante un examen meticuloso de la

matriz de correlación, nuestro objetivo es desentrañar las conexiones entre los números de registro. Este enfoque busca proporcionar percepciones sobre las interacciones dinámicas de las prácticas de cría, las presiones selectivas que influyen en la diversidad genética y la salud genómica general de las razas de perros en las Islas Baleares.

Además, las Islas Baleares albergan aproximadamente el 60% de los registros genealógicos españoles [3], lo que subraya su papel como crisol de diversidad genética dentro del panorama general de España. Esta concentración no sólo acentúa el protagonismo de estas islas, sino que también las sitúa como punto focal para comprender las matizadas dinámicas del desarrollo y la preservación de las razas.

Nuestro análisis pretende desentrañar las interconexiones genéticas dentro de estos registros, arrojando luz sobre las intrincadas relaciones que han florecido en medio del singular tapiz sociocultural y medioambiental de las Islas Baleares. Al embarcarnos en este viaje científico, nuestro objetivo es revelar los hilos que unen el pasado, el presente y el futuro de estos linajes caninos, contribuyendo al discurso más amplio sobre la conservación genética y la gestión de las razas.

Materiales y Métodos

El presente documento se basa en la información derivada de ejemplos prácticos de razas oficialmente reconocidas y en vías de reconocimiento.

Recopilación: Real Decreto 558/2001

Objetivo y Antecedentes:

El Real Decreto 558/2001, promulgado el 25 de mayo, regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura en España. Nace de la necesidad de armonizar los criterios de las razas incluidas en el Tratado de la Comunidad Europea, especialmente de aquellas que carecen de regulación específica. La

directiva se ajusta a las normas de la UE, garantizando la conservación, mejora y promoción de las diversas razas caninas.

Competencia y Reconocimiento:

Reconocimiento Nacional:

El Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación vela por el reconocimiento nacional, exigiendo a las organizaciones contar con al menos el 35% del censo nacional, distribuido en diez Comunidades Autónomas.

Reconocimiento Regional–Autonómico:

Las Comunidades Autónomas gestionan el reconocimiento si las organizaciones no tienen ámbito nacional. Para las razas españolas, el reconocimiento considera aspectos técnicos, socioculturales e históricos, siendo el origen de la raza el que determina la autoridad competente.

Requisitos para su Reconocimiento:

Las Organizaciones deben:

Poseer Personalidad Jurídica

Mantener una infraestructura adecuada, que incluya asesoramiento técnico, procesos de documentación, control del parentesco y fondos económicos.

Demstrar capacidad para los controles genealógicos, la mejora de la raza y la aptitud para la cría.

Operar sin ánimo de lucro, combatir los comportamientos agresivos y contribuir a la conservación de la raza.

Criterios de Inscripción:

Los perros deben tener antepasados registrados en libros genealógicos reconocidos.

Los perros inscritos inicialmente en España no pueden volver a inscribirse en otro lugar sin una prueba de traslado.

Los libros genealógicos constan de secciones principales y anexas, con criterios específicos para la inscripción en cada una de ellas.

Registro General y Obligaciones:

En el Ministerio se crea un Registro General que incluye las organizaciones reconocidas. Las Comunidades Autónomas lo actualizan anualmente.

Los libros genealógicos incluyen secciones principales y anexas, con un registro de méritos por cualidades excepcionales.

Las organizaciones deben facilitar información previa solicitud y gestionar registros de pruebas de aptitud.

Modificaciones (23 de diciembre de 2005):

El reconocimiento pasa a la Comunidad Autónoma de la sede de la organización.

El Registro General pasa a ser público e informativo.

Adhesión a los prototipos raciales de las razas españolas.

Las organizaciones deben facilitar información a las comunidades autónomas.

Anexo de Sustitución de "Razas Caninas Españolas".

Traslado de documentación de reconocimiento para las organizaciones existentes.

Resolución de procedimientos en curso según normativa anterior.

Validez de los prototipos raciales hasta que las Comunidades Autónomas los regulen.

Prueba de Aptitud

Las organizaciones autorizadas pueden gestionar registros de perros participantes en pruebas de aptitud, incorporando los datos pertinentes a los registros genealógicos.

Razas en peligro de extinción:

La autoridad competente elaborará planes de recuperación de razas caninas españolas en peligro de extinción.

Diferentes Tipos de Registros:

Sección Principal

Para perros de pura raza con ancestros registrados, identificados siguiendo requisitos específicos y que cumplan los estándares de la raza.

Sección Anexa

Para perros que carecen de documentación genealógica completa pero que contribuyen a la mejora de la raza gracias a sus características étnicas.

Registro de Méritos

Incluye animales de la sección principal que han superado pruebas de aptitud, demostrando cualidades excepcionales.

Análisis estadístico

Correlaciones Producto-Momento Pearson

Se ha utilizado XLSTAT Versión 2014.5.03 para el cálculo de las correlaciones del Producto-Momento de Pearson entre los censos de los diferentes registros (Fundacional, Definitivo, Nacimiento y Auxiliar. que componen un libro genealógico separados por sexo, para determinar la relación existente entre ellos.

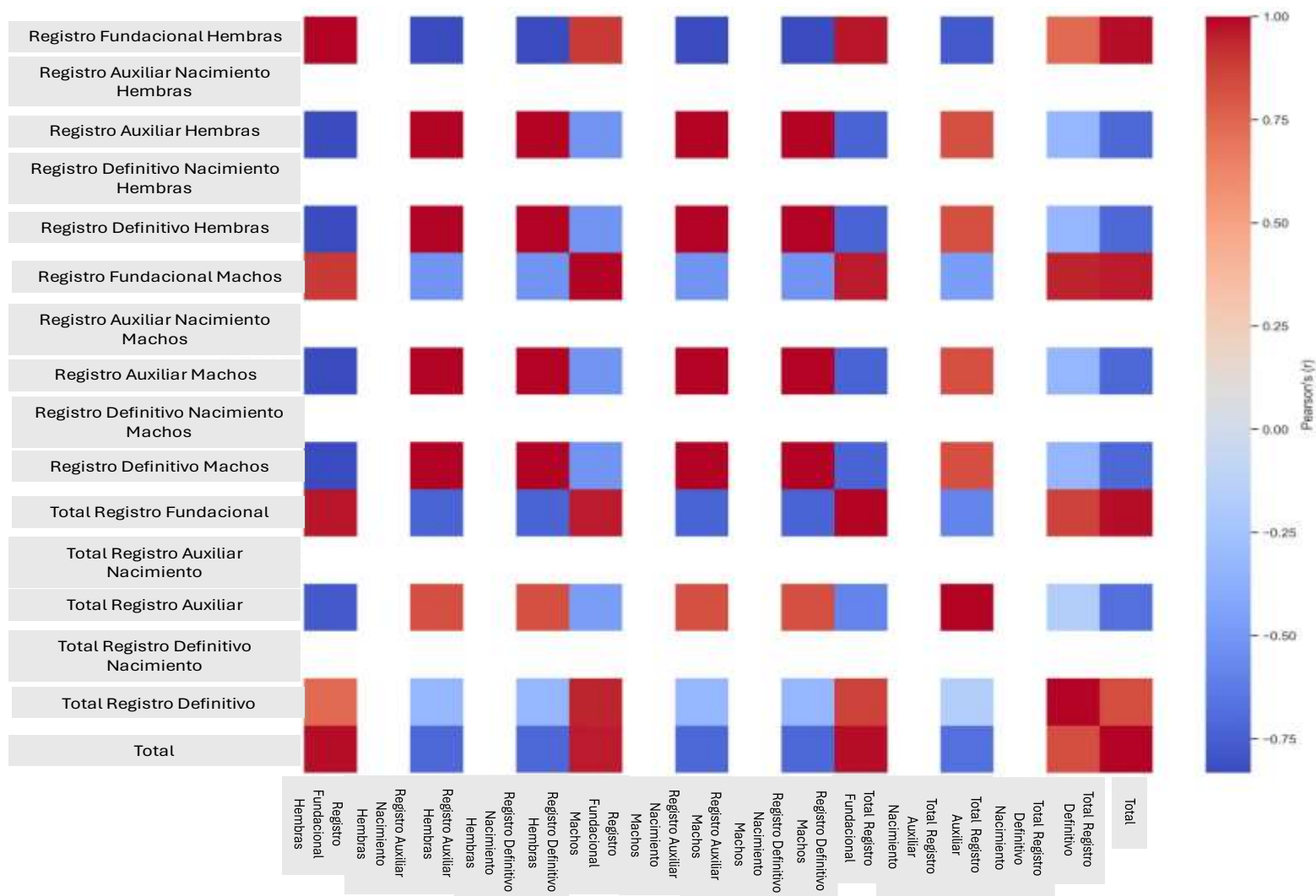


Figura 1. Mapa de calor que muestra las correlaciones entre registros y géneros en el libro genealógico.

Resultados

Correlaciones Producto-Momento de Pearson

La figura 1 muestra un mapa de calor que informa de las correlaciones entre registros y géneros en el libro genealógico. Como sugiere la escala, cuanto más intenso es el color rojo, mayores son también las correlaciones positivas entre pares de elementos. Por el contrario, cuanto más intenso es el color azul, mayor será la correlación negativa entre elementos y características.

Interpretación de los Resultados:

Correlación Positiva

Los valores cercanos a 1 en la tabla de correlaciones indican una fuerte correlación positiva. Esto implica que a medida que aumenta una variable, la otra tiende a aumentar también. En el contexto de estos datos, por ejemplo, una alta correlación positiva entre Registro Fundacional de Hembras y Registro Fundacional de Machos (0,781) sugiere que cuando comparamos las razas a medida que aumenta el número de hembras en el Registro Fundacional, se produce un aumento correspondiente en el número de machos en el Registro Fundacional.

Correlación Negativa:

Los valores cercanos a -1 significan una fuerte correlación negativa. Esto indica que a medida que una variable aumenta, la otra tiende a disminuir. Un ejemplo en la tabla es la correlación negativa entre las Hembras del Registro Fundacional y las Hembras del Registro Auxiliar de Nacimientos (-0,500). Esto sugiere que cuando comparamos las razas a medida

que aumenta el número de Hembras en el Registro Fundacional, disminuye el número de hembras en el Registro Auxiliar de Nacimientos.

Correlación Cero:

Una correlación de 0 implica que no existe relación lineal entre las variables. Por ejemplo, Registro Auxiliar de Nacimientos de Hembras tiene una correlación cero con todas las demás variables de la tabla. Esto sugiere que el número de hembras en el Registro Auxiliar de Nacimientos no tiene una relación lineal con los datos de otras categorías de registros.

Observaciones Clave:

Hembras del Registro Fundacional:

Las correlaciones positivas con el total de machos del Registro Fundacional y con el total del Registro Auxiliar de Nacimientos indican que cuando aumenta el número de hembras en el Registro Fundacional, tiende a aumentar también el número de hembras en las demás categorías.

Las correlaciones negativas con Registro Auxiliar de Nacimiento de Hembras y Registro Definitivo de Nacimiento de Hembras implican una relación inversa, lo que sugiere que a medida que aumenta el número de hembras en el Registro Auxiliar de Nacimiento y en el Registro Definitivo de Nacimiento, disminuye el número de hembras en el Registro Fundacional.

Hembras del Registro Auxiliar:

Las correlaciones positivas con Registro Auxiliar de Machos y Total del número de animales (Total) sugieren una tendencia constante entre el número de hembras y machos o el total general en la categoría de Registro Auxiliar.

Las correlaciones negativas con Registro Fundacional de Hembras y Registro Definitivo de Hembras sugieren una relación inversa con estas categorías.

Total del Registro Auxiliar de Nacimientos:

Una fuerte correlación positiva con el Total del Registro Fundacional y el Total del Registro Definitivo de Nacimientos indica un aumento simultáneo de las cifras en estas categorías.

Registro Definitivo Machos:

Las correlaciones positivas con Machos del Registro Fundacional, Total y Hembras del Registro Definitivo sugieren una tendencia al aumento simultáneo de estas variables.

Las correlaciones negativas con Registro Auxiliar de Nacimiento de Machos y Registro Auxiliar de Machos indican una relación inversa.

Datos:

Relaciones Intra-género:

Las fuertes correlaciones dentro de los géneros (tanto para hembras como para machos) sugieren un patrón consistente en el registro entre los diferentes tipos de registro para cada género. Esto podría ser indicativo de un proceder sistemático en el proceso de registro dentro de cada género.

Relaciones Totales de Registro:

Las fuertes correlaciones positivas de la categoría "Total" con varias subcategorías sugieren una alineación o coherencia general en los patrones de inscripción entre los diferentes tipos de registros.

Registro Auxiliar de Nacimientos de Hembra:

La falta de correlación con cualquier otra categoría indica una posible independencia o una falta de relación lineal entre el número de hembras en el Registro Auxiliar de Nacimientos y otros tipos de registro. Una investigación más profunda sobre la naturaleza de este registro podría aportar datos valiosos.

Discusión

Este estudio se adentra en los entresijos de la dinámica de los libros genealógicos, utilizando las correlaciones Producto-Momento de Pearson [4] para dilucidar las relaciones entre los distintos registros y sexos de las razas caninas en peligro de extinción de las Islas Baleares. La figura 1 sirve de guía visual, empleando un mapa de calor [5] para mostrar la fuerza de las correlaciones: los tonos rojos indican correlaciones positivas, mientras que los azules revelan correlaciones negativas. Los censos de los Registros Fundacionales [6], tanto de machos como de hembras, son decisivos en la consolidación de los censos totales de las razas. Esto denota el hecho de que cuanto más fuertes son las bases de una población canina, más sólida es la posibilidad de consolidación de esta población como raza.

Los valores cercanos a 1 denotan una sólida correlación positiva [7], lo que sugiere que a medida que una variable aumenta, la otra tiende a seguirle. Como ya se ha mencionado, la importante correlación positiva (0,781) entre las hembras del Registro Fundamental y los machos del Registro Fundamental implica que un aumento de las inscripciones de hembras

en el Registro Fundacional se corresponde con un aumento paralelo de las inscripciones de machos.

Por el contrario, los valores cercanos a -1 [8] indican una correlación negativa sustancial, lo que sugiere que a medida que aumenta una variable, la otra tiende a disminuir. La correlación negativa de $-0,500$ entre las hembras del Registro Fundacional y las hembras del Registro Auxiliar de Nacimientos implica que, a medida que aumenta el número de hembras en el Registro Fundacional, disminuye el número de hembras en el Registro Auxiliar de Nacimientos. Este resultado puede deberse al hecho de que cuando aumenta el número de hembras en el Registro Fundacional, también aumenta la probabilidad de que los animales recién nacidos procedan de animales ya registrados en la población.

Sin embargo, curiosamente, el Registro Auxiliar de Nacimientos Hembras, presentó una correlación nula con otras variables, lo que sugiere una falta de asociación lineal con otras categorías de registro y sexos. Una correlación de 0 [9] significa ausencia de relación lineal entre variables. Esto denota la mayor importancia de los censos de hembras sobre los de machos en la consolidación de una población como raza, especialmente en aquellos registros que marcan el punto de partida de una raza y que sientan las bases para el futuro de la eficacia de las estrategias de conservación de dicha población [10].

Las correlaciones positivas con Registro Auxiliar Machos y Total y Registro Auxiliar de Nacimiento Total implican una escalada simultánea de estas categorías con un aumento de las inscripciones femeninas en el Registro Fundacional. Por el contrario, las correlaciones negativas con Registro Auxiliar de Nacimiento Hembras y Registro Definitivo de Nacimiento Hembras sugieren una reducción de estas categorías a medida que aumenta el número de hembras en el Registro Fundacional, lo que a su vez puede derivarse del hecho de que cuantas más hembras se registran inicialmente, es decir, cuanto más sólida es la base de una población, menor es la relevancia de los registros auxiliares [11].

De hecho, estas conclusiones también se ven respaldadas por las correlaciones positivas con Registro Auxiliar Machos y Total que revelan una tendencia consistente en el número de hembras, machos o el total general dentro de la categoría de Registro Auxiliar. Las correlaciones negativas con Registro Fundacional Hembras y Registro Definitivo Hembras indican una relación inversa con estas categorías.

Una sólida correlación positiva con el Total de Registros Fundacionales y el Total de Registros Definitivos de Nacimiento implica un aumento simultáneo de las cifras en estas categorías. La distinción entre Registros Auxiliares y Definitivos de Nacimiento sólo se realiza internamente por algunas asociaciones, no a nivel nacional donde sólo un registro de nacimiento se considera. Esta puede ser la causa de las correlaciones tan positivas encontradas.

Lo mismo se encontró para el registro definitivo de machos, las correlaciones positivas con machos del Registro Fundacional, total, y hembras del Registro Definitivo [12] sugieren una tendencia al incremento conjunto de estas variables, lo que confirma la importancia que tiene para las poblaciones caninas en peligro de extinción, estar sustentadas sobre una base fundacional sólida. De hecho, de nuevo, cuanto más sólida es esta base fundacional, menor es la importancia de los registros auxiliares, tal y como sugieren las correlaciones negativas con los Machos del Registro Fundacional y los Machos del Registro Auxiliar, que indican una relación inversa.

Las correlaciones sólidas dentro de los géneros apuntan a un patrón coherente en el registro entre los distintos tipos de registro para cada género, lo que indica un enfoque sistemático del registro dentro de cada categoría de género. Las fuertes correlaciones positivas de la categoría "Total" con diversas subcategorías ponen de relieve una alineación o coherencia general en las pautas de inscripción entre los distintos tipos de registro.

La ausencia de correlación entre las hembras del Registro Auxiliar de Nacimientos y con cualquier otra categoría sugiere una posible independencia o una falta de relación lineal entre el número de hembras del Registro Auxiliar de Nacimientos y otros tipos de registro. Una exploración más profunda de la naturaleza de este registro podría arrojar valiosos datos.

Conclusiones

Este examen exhaustivo de las correlaciones proporciona información valiosa sobre la dinámica subyacente del libro genealógico, arrojando luz sobre la interconexión y los patrones que impulsan los comportamientos de cría y registro dentro de la población estudiada. La utilización de las correlaciones Producto-Momento de Pearson desvela relaciones matizadas dentro del libro genealógico, proporcionando una comprensión exhaustiva de la dinámica de

registro. Cuando las poblaciones de perros en peligro de extinción se apoyan en una base fundacional sólida, especialmente en lo que se refiere a los censos de hembras, aumentan también las posibilidades de éxito para que dicha población evolucione hacia una raza estandarizada. Esto demuestra la especial relevancia de los censos de hembras en las primeras fases de configuración de las poblaciones caninas estandarizadas (razas). De hecho, cuanto más sólida es la base fundacional de una población, menor es el esfuerzo que hay que realizar en registros accesorios, como el registro auxiliar. Estas conclusiones ofrecen valiosas ideas para la gestión de los libros genealógicos y animan a seguir investigando en categorías registrales específicas, fomentando una comprensión holística de los patrones de cría dentro de la población estudiada.

En conclusión, el análisis de correlación es una herramienta valiosa para identificar asociaciones entre distintos tipos de registros. Sin embargo, es importante señalar que la correlación no implica causalidad. Aunque la tabla proporciona un punto de partida para comprender las relaciones, es esencial seguir explorando y tener en cuenta los conocimientos específicos del ámbito para obtener una interpretación matizada.

Financiación

La presente investigación se llevó a cabo durante el periodo de cobertura de un Contrato Postdoctoral Ramón y Cajal con la referencia MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea "NextGenerationEU"/PRTR.

Reconocimientos

Los autores expresan su sincero agradecimiento a la Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí y Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya por su inestimable apoyo y colaboración en la publicación de ideas y datos esenciales que finalmente se utilizaron para este estudio. El compromiso y dedicación de estas organizaciones a la preservación y promoción de las razas caninas en las Islas Baleares

han enriquecido significativamente la investigación, permitiendo su comprensión integral y permitiendo la evaluación de la dinámica genética y los patrones evolutivos de las razas y grupos de razas presentes en el archipiélago. Su experiencia y contribuciones han sido fundamentales para avanzar en nuestro conocimiento de las poblaciones de razas, lo que refleja su profundo compromiso con la conservación y el bienestar de estas razas caninas únicas

Referencias

1. Verde, A.; Fajardo, J.; Rivera, D.; Valdés, A.; Obón, C. Los recursos biológicos en la Manchuela: un Patrimonio Natural y Cultural a proteger. *Revista alaxarch, Revista de Estudios de la Manchuela* **2009**.
2. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación. Real Decreto 558/2001, de 25 de mayo, por el que se regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura. Madrid, Spain, 2001.
3. Navas, F.J. I Curso Formación de Jueces Ca de Conills Menorca. 2022.
4. Puth, M.-T.; Neuhäuser, M.; Ruxton, G.D. Effective use of Pearson's product-moment correlation coefficient. *Animal behaviour* **2014**, 93, 183-189.
5. Filzmoser, P.; Hron, K.; Templ, M.; Filzmoser, P.; Hron, K.; Templ, M. Correlation Analysis. *Applied Compositional Data Analysis: With Worked Examples in R* **2018**, 149-162.
6. Murciano, P.C. Programa De Cría, Conservación, Selección Y Mejora Genética De La Raza.
7. Quintero-Rincon, A.; D'Giano, C.; Risk, M. Epileptic seizure prediction using Pearson's product-moment correlation coefficient of a linear classifier from generalized Gaussian modeling. *arXiv preprint arXiv:2006.01359* **2020**.
8. Ratner, B. The correlation coefficient: Its values range between $+1/-1$, or do they? *Journal of targeting, measurement and analysis for marketing* **2009**, 17, 139-142.
9. Schober, P.; Boer, C.; Schwarte, L.A. Correlation coefficients: appropriate use and interpretation. *Anesthesia & analgesia* **2018**, 126, 1763-1768.
10. Scherf, B.D. Lista mundial de vigilancia para la diversidad de los animales domésticos; FAO, Roma (Italia): 1997.
11. Sánchez Rodríguez, M.; Muñoz Mejías, E. Reglamentación específica del libro Genealógico de la Raza Caprina Florida. Federación Española de Asociaciones de Ganado Selecto: Madrid, Spain, 2003.
12. Medina, J.R.G.; Vilas, F. Asociación de criadores y libro genealógico. *Bovis* **1986**, 67-78.

CAPÍTULO 3. ANÁLISIS DE LOS ELEMENTOS QUE COMPONEN LOS ESTÁNDARES RACIALES EN LAS RAZAS CANINAS DE BALEARES

3.1 Preservación de las razas de perros autóctonos de las Baleares: evaluación e importancia del desarrollo de estándares para la diferenciación de razas

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Carlos Iglesias Pastrana ², Antonio González Ariza ², Juan Vicente Delgado Bermejo ³ y Francisco Javier Navas González ^{3*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural Govern Illes Balears, 07009 Palma, España.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, España.

³ Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.

Información sobre el indicador de calidad de la publicación

***Información más reciente disponible (2022)**

Estado del manuscrito: Enviado

Revista (año, volumen, páginas): Veterinary Sciences

Base de datos internacional en la que está indexada: Journal of Citation Reports (JCR)

Área temática en la base de datos de referencia: Ciencias Veterinarias

Índice de impacto de la revista en el año de publicación del artículo: 2,4

Clasificación/número de revistas en el área temática: 33/170 (Q1)

Resumen

La presente investigación tiene como objetivo utilizar CHAID y análisis generalizados de Procrustes para identificar variables definitorias de razas caninas, centrándose en razas autóctonas de las Islas Baleares. Factores clave incluyen la clasificación funcional, configuración de las orejas, prominencia de la cruz, longitud del brazo, relación altura cruz/grupa, forma del abdomen y proporcionalidad corporal. El estudio destaca la naturaleza dinámica de los estándares de raza y la necesidad de investigación continua para garantizar descripciones precisas. La falta de variables específicas en los estándares de raza puede afectar la comprensión integral de las características raciales. Los hallazgos enfatizan el papel crucial del estado de reconocimiento y la funcionalidad en la diferenciación de razas. Se recomienda precaución al modificar estándares de raza, resaltando la necesidad de validez respaldada por evidencia. El estudio concluye discutiendo los diversos niveles de reconocimiento de las razas autóctonas de las Baleares y su camino hacia el reconocimiento global, mostrando las complejidades involucradas en el proceso.

Palabras claves

Estructuras de Protección; Asociación de Criadores; Estándar Racial; Zoometría; Faneróptica; Funcionalidad.

Introducción

Las Islas Baleares, ubicadas en el prístino Mediterráneo, albergan una rica herencia cultural arraigada en una armoniosa fusión de historia, tradición y biodiversidad. En el corazón de este paisaje cultural único se encuentran las razas autóctonas de perros de la región. Forjadas a lo largo de siglos de convivencia con los habitantes de la isla, estas razas han desempeñado un papel crucial en la vida diaria de la gente de las Baleares, sirviendo como compañeros leales, guardianes y colaboradores en el trabajo. Oficialmente reconocidas están cinco razas de perros: el Ca de Bestiar (CB), el Ca de Bou (CBOU), el Podenco Ibicenco (PI), el Ca Rater mallorquín (CR) y el Ca Mè (CM), junto con una agrupación racial conocido como el Ca de Conills (CC) de Menorca [1,2].

Antes de su reconocimiento oficial, ya fuera como asociaciones de criadores de perros de pura raza o como agrupación racial, los criadores de estos linajes se organizaron en clubes o asociaciones entre 1978 y 2010 para ayudar a la conservación y cría de estos recursos genéticos de forma organizada [3,4].

Sin embargo, en los últimos tiempos, la conservación de estas valiosas razas caninas autóctonas se ha enfrentado a numerosos retos. La modernización, la urbanización y las cambiantes preferencias sociales han supuesto una amenaza para la continuidad de estas razas, poniendo en peligro la erosión del patrimonio cultural, la utilidad funcional y la diversidad genética. Los cruces con razas extranjeras, descritos por diversos autores como Payeras, et al. [5], Puigserver i Gil de Sola [6] y Gual Fournier [7], han sido y siguen siendo un riesgo para la pérdida de pureza.

Para hacer frente a estas preocupaciones, la elaboración y aplicación de estándares de raza surgió como una iniciativa crucial para salvaguardar el futuro de las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares. El reconocimiento como raza pura implicó a las asociaciones en un trabajo riguroso, basado en el estudio de ejemplares resilientes, que comenzaba con la comprensión de los orígenes de las poblaciones y culminaba con la descripción de su patrón racial. Estos esfuerzos sirvieron de base para argumentar que estas poblaciones iniciales, a lo largo del tiempo y a través del aislamiento, se han constituido como razas, dando lugar al reconocimiento oficial por parte de las autoridades españolas [8]. El camino hacia la creación

de estándares de raza para estos perros promete no sólo la protección de su inestimable legado, sino también el potencial para revitalizar su papel en el tejido cultural de las islas y más allá.

A través de una fusión de conocimientos genéticos, perspectivas culturales y aplicaciones prácticas, los estándares de raza recogen los rasgos morfológicos únicos que hacen a estas razas especialmente aptas para los entornos donde desarrollan su trabajo, sus temperamentos y las características funcionales de estas razas, combinando tradición y modernidad como uno de los primeros pasos en la búsqueda de la salvaguarda de las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares.

El Análisis Procrustes Generalizado (GPA) y los árboles CHAID (Chi-squared Automatic Interaction Detection) se presentan como herramientas poderosas en el ámbito de la selección de estándares de raza, especialmente al identificar elementos distintivos entre diferentes razas caninas. El GPA permite a los investigadores alinear y superponer formas, facilitando la comparación precisa de rasgos morfológicos entre razas. Al capturar variaciones en tamaño, proporciones y configuraciones, el GPA proporciona una comprensión completa de características únicas que contribuyen a la distintividad de cada raza. Por otro lado, los árboles CHAID ofrecen un enfoque estructurado para explorar las relaciones entre variables, identificando factores clave que diferencian significativamente las razas. La combinación de estos análisis puede ser de gran utilidad en la selección de elementos dentro de un estándar de raza que realmente distinguen a cada raza. La capacidad del GPA para resaltar matices sutiles de las formas complementa la capacidad de CHAID para señalar variables influyentes, creando un enfoque sinérgico. Esta metodología integral no solo mejora la precisión de los estándares de raza, sino que también contribuye a una comprensión más profunda de los factores morfológicos y genéticos que contribuyen a la identidad distintiva de cada raza. En esencia, la integración de GPA y árboles CHAID ofrece un marco robusto para el desarrollo de estándares de raza, asegurando que los elementos seleccionados sean no solo distintivos sino también representativos de las características intrincadas que definen a cada raza [9].

El objetivo del presente estudio es ahondar en la importancia de crear un estándar de raza como herramienta fundamental para la conservación y revitalización en el caso particular de las razas caninas en peligro de extinción. Se explora la naturaleza multifacética de dicho

estándar, haciendo hincapié no sólo en qué elementos morfológicos o fanerópticos pueden ser determinantes para la diferenciación de las razas, sino también en su papel en la conservación del legado cultural de las Islas Baleares y en el mantenimiento de las capacidades funcionales y la diversidad genética de estos perros para asegurar su continua relevancia y resiliencia frente a los desafíos contemporáneos.

Materiales y Métodos

Muestra: Estándares de la raza

Las razas consideradas en el presente estudio fueron las siguientes; el Ca de Bestiar (CB), el Ca de Bou (CBOU), el Podenco Ibicenco (PI), el Ca Rater mallorquín (CR) y el Ca Mè (CM), junto con una agrupación racial denominada Ca de Conills (CC) de Menorca.

Los estándares de las razas CB, CBOU y PI fueron publicados en el Real Decreto 558/2001, por el que se regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura, publicado en el BOE nº 142 de fecha 14/06/2001 [8]. El estándar para CBOU fue modificado en 2017 en el BOIB nº 21 mediante Decreto 8/2017 de 18/02/2017 [10], y para las razas CR y CM en la Orden APA/807/2004 por la que se actualiza el anexo del Real Decreto 558/2001, publicada en el BOE nº 77 de 30/03/2004 [8]. En el caso de la CC, aunque no se ha reconocido oficialmente ningún estándar de la raza, la asociación definió y considera habitualmente un estándar tradicional no oficial de la raza (Figura 1).

Se evaluaron los estándares de las razas para extraer los datos que se utilizarían en los análisis estadísticos. La información se clasificó y organizó por razas como se muestra en la Tabla S1. Como se describe en la Tabla S1, la evaluación comienza con el Vientre, centrándose en los intrincados detalles de su Conformación. Pasando al grupo más amplio del Cuerpo, se desarrolla un análisis exhaustivo, que abarca la Proporcionalidad, la Prominencia de la Cruz, Estado de la Piel de la zona de la Cruz, la Anchura y Altura de la zona de la Cruz, y la Altura de la Grupa. A continuación, se examinan la profundidad, la

anchura, el desarrollo muscular, la longitud y el esternón. La atención se desplaza a la capa, donde se consideran características como la textura, la longitud y el color del pelo.

La evaluación profundiza en los entresijos de la región craneal, evaluando las proporciones aproximadas, la anchura y la longitud, la forma y la anchura de la frente, la cresta occipital, el surco frontal, la alineación de los ejes craneal y facial y la depresión frontonasal. A continuación, se examinan la forma y el desarrollo muscular de la grupa y el perfil, el desarrollo muscular y la longitud de la línea dorsal. Las características de las orejas, incluyendo forma, implantación, tamaño, posición y presencia de pliegues, son consideradas cuidadosamente.

Las Faltas Eliminatorias reúnen diversas características de varios grupos, que van desde la Espalda, el Comportamiento, el Vientre, el Pecho, la Capa y la Faneróptica, la Grupa, las Extremidades anteriores, la Cabeza, la Altura a la Cruz, la Boca, el Cuello, las Proporciones, las Extremidades posteriores, el Aparato reproductor, la Cola hasta el Peso.

En los párpados se evalúa la conformación, mientras que en los ojos se tienen en cuenta el tamaño, la forma, el color, la vista, la separación y la posición. Para la Talla de la Hembra, los parámetros incluyen la Altura a la Cruz y el Peso.

Las características de las extremidades anteriores incluyen el brazo, el codo, el carpo y el metacarpo, los dedos, la membrana interdigital, el ángulo escapulohumeral y el ángulo húmero-radial. El grupo Apariencia general tiene en cuenta el Dimorfismo sexual y el Temperamento/Comportamiento. El grupo Cabeza, que forma parte integrante de la evaluación, incluye Estructura, Tamaño, Forma, Longitud, Proporciones, Desarrollo muscular, Simetría y Definición de los grupos musculares.

Otros aspectos cruciales incluidos en la evaluación de la conformación de los músculos de la mandíbula, los labios con tamaño y color y el lomo con anchura. Las Faltas Graves comprenden diversas características como Tamaño/Proporciones, Boca, Cabeza, Cola, Vientre, Capa y Faneróptica, Dientes, Tórax, Extremidades anteriores y Extremidades posteriores. La Talla del Macho se evalúa mediante la Altura a la Cruz y el Peso, mientras que el grupo de Faltas Leves incluye consideraciones sobre el Comportamiento, la Cola y los Dientes.

Otros rasgos son la boca, evaluada en función del perfil, el tipo de movimiento del animal, el cuello, con consideraciones sobre el desarrollo muscular, el grosor, la inserción, el perfil, la longitud y la papada. El paladar se evalúa en función del color, y el grupo de extremidades posteriores abarca el desarrollo muscular, la longitud del dedo gordo, la longitud de la pierna, la anchura del corvejón, los dedos, el ángulo coxofemoral, el ángulo femorotibial y el ángulo tibiotarsiano. El clúster de Reconocimiento/Clasificación se refiere al Reconocimiento/Clasificación por organismo oficiales nacionales e internacionales, mientras que los Hombros se evalúan por Forma y Longitud. El grupo Piel considera el Grosor y la presencia de Pliegues, y el grupo Hocico implica el Tamaño del Hocico, el Color del Hocico y la Anchura del Hocico. La Cola se evalúa por Implantación, Longitud, Trazo, Nacimiento y Sección. Por último, los dientes se evalúan en función del tipo de mordida, el tórax en función de la forma y el uso en cuestión de la Funcionalidad.



Figura 1. Razas caninas en peligro de extinción en Baleares; Reconocidas oficialmente: A) Ca de Bestiar (CB), (B) Ca Mè (CM), (C) Ca de Rater (CR), (D) Podenco Ibicenco (PI), (E) Ca de Bou (CBOU) y Agrupación Racial: (F) Ca de Conills (CC).

Análisis estadístico

Para explorar a fondo todos los elementos que conforman el estándar racial de las razas objeto de estudio, se realizaron dos análisis diferentes. Por un lado, se empleó el árbol de decisión Chi-squared Automatic In-teraction Detection (CHAID) [11] y, por otro, se realizó un análisis Procrustes generalizado.

Análisis Procrustes Generalizado (GPA)

En este estudio se aplicó el Análisis Procrustes Generalizado (GPA) para mitigar los efectos de escala y distinguir cuáles eran los elementos presentes en un estándar de raza canina para los que se había obtenido una configuración de consenso entre razas [12]. Su finalidad se extendió a facilitar la comparación de los rasgos recogidos en la Tabla S1.

El objetivo principal del Análisis de Procrustes Generalizado en este estudio fue transformar los datos, eliminando los efectos de escala y posicionales, obteniendo así una configuración de consenso para su posterior uso en el mapeo de preferencias externas. Para el Análisis de Procrustes Generalizado se empleó la rutina de Análisis de Datos Sensoriales del software XLSTAT, versión 2018.5 de Addinsoft, París, Francia. La información se extrajo de la evaluación de los estándares de raza para cada una de las cinco razas caninas reconocidas Oficialmente: el CB, el CBOU, el PI, el CR, y el CM, junto con una agrupación racial conocida como el CC de Menorca.

Se utilizó un mapeo de preferencias externas para relacionar los estándares de raza con cada uno de los elementos considerados en la definición de dichos estándares. Este mapeo pretendía discernir la dimensionalidad de los estándares de raza en el contexto de las razas y las agrupaciones raciales.

La primera etapa del método de cartografía externa de las preferencias consistió en cartografiar visualmente las razas en función de los elementos que las componen, creando un mapa sensorial mediante el método PREFMAP del programa informático XLSTAT.

A continuación, se realizaron dos pruebas de permutación para conocer el porcentaje de varianza explicado por el consenso entre razas y determinar el número óptimo de dimensiones para el análisis. La primera prueba verificó la autenticidad de la configuración

consensuada, mientras que la segunda determinó el número de dimensiones que debían conservarse, basándose en 500 permutaciones.

Tras estas pruebas, se realizó un análisis de componentes principales (PCA) no normalizado, alineando las configuraciones con el consenso bajo las restricciones del PCA. La transformación PCA resultante se aplicó entonces a cada configuración de raza, y se calcularon los valores propios para indicar la fracción de variabilidad atribuida a cada eje.

Los resultados se separaron en configuraciones de consenso para cada uno de los elementos estándar de la raza, y las coordenadas del objeto de la configuración de consenso se utilizaron en un análisis PREFMAP posterior para generar un mapa de preferencias externo.

Detección Automática de Interacción Chi-cuadrado (CHAID)

Árbol de toma de decisiones (CHAID)

La técnica de minería de datos empleada en este estudio es el árbol de decisión de Detección Automática de Interacción Chi-cuadrado (CHAID) [11]. Este método sirve para múltiples propósitos, incluyendo la clasificación, predicción, interpretación y manipulación de datos categorizados discretamente. La herramienta de ayuda a la decisión algorítmica basada en CHAID comprende una estructura con un nodo raíz, ramas y nodos hoja. Los nodos internos se construyen en torno a elementos estándar de raza (variables de entrada) utilizando un criterio de división de significación de la prueba Chi-cuadrado ($P < 0,05$) como paso previo a la poda para diferenciar entre razas caninas. La poda, previa o posterior, se aplica para evitar que el árbol tenga un número excesivo de ramas y para garantizar la búsqueda de ramas que contribuyan significativamente al ajuste global. Tras el cálculo exhaustivo de un árbol que muestre relaciones significativas entre variables independientes, se descartan los nodos irrelevantes. CHAID incorpora un elemento de penalización, derivado de la complejidad del modelo, con el uso de la desigualdad de Bonferroni para ajustar los niveles de significación. El método se asemeja a la regresión por pasos hacia delante, incorporando pruebas de chi-cuadrado en lugar de pruebas basadas en F-entradas.

CHAID DT Validación cruzada

Para evaluar la fiabilidad del árbol de decisión CHAID de minería de datos, se realizó una validación cruzada. Para ello se midieron las diferencias en el error de predicción entre un árbol aplicado a una nueva muestra y una muestra de entrenamiento. Se empleó una validación cruzada de diez veces para validar el árbol de decisión, garantizando que los predictores considerados explicaban diferencias significativas entre los grupos de razas. El proceso consistió en comparar los errores de predicción de un árbol aplicado a una muestra nueva (tasa de error de sustitución/reemplazo) y a una muestra de entrenamiento (tasa de error de validación cruzada). La tasa de error de validación cruzada, una media de los riesgos de las diez muestras de prueba determinó la precisión del modelo en la generalización de datos no vistos. Se seleccionó el árbol con la tasa de error de validación cruzada más baja, que indicaba el mejor ajuste. Por el contrario, la tasa de error de sustitución, que indica observaciones mal clasificadas, disminuye al aumentar la profundidad del árbol. La profundidad óptima del árbol se determinó basándose en el árbol menos profundo cuyo riesgo de validación cruzada no superara el riesgo del árbol de mínimo riesgo de validación cruzada más un error estándar, lo que garantizaba un modelo equilibrado y preciso.

Resultados

El análisis de multicolinealidad sugirió que ninguna variable debía descartarse de los análisis ($VIF < 5$). La tabla 1 presenta un resumen de la eficacia de cada transformación aplicada en el GPA en relación con la reducción de la variabilidad total.

La superposición de Procrustes implica tres etapas después de 2 iteraciones, que abarcan la traducción a un centroide común, el escalado al mismo tamaño de centroide y la rotación ortogonal para minimizar las distancias al cuadrado entre los puntos de referencia correspondientes [13]. El análisis de la eficacia de la transformación del GPA se presenta en términos de cuadrados medios, grados de libertad, valores F y valores p.

Tabla 1. Análisis de eficiencia de transformación del Análisis Procrustes Generalizado.

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrados medios	F	Pr > F
Residuales después escalado	1368	477.287	0.349		
Escalado	342	9.991	0.029	0.084	1.000
Residuales después traducción	1710	487.278	0.285		
Traducción	342	299.352	0.875	2.509	< 0.0001
Total Corregido	2052	786.630	0.383		

Según la Tabla 1, la traducción es el único método de transformación eficiente ($P < 0,001$). La traducción a un centroide común se refiere a la distancia media entre los puntos de referencia de dos conjuntos de datos, en nuestro caso, cada raza. En este estudio, esta eficacia se atribuye probablemente a la diferencia significativa entre los estándares de raza en el análisis. La Figura 2 ilustra los residuos por raza tras las transformaciones detalladas en la Tabla 1.

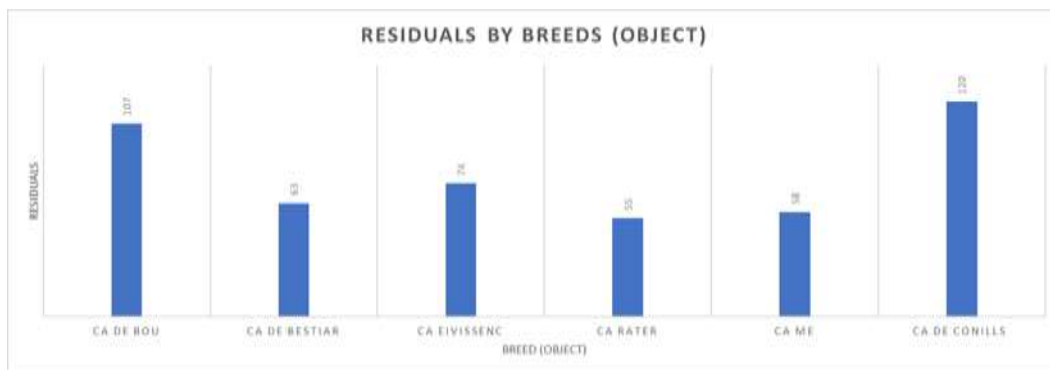


Figura 2. Residuales por raza canina o agrupación de razas oficialmente reconocidas.

En particular, el CR presenta el residuo más pequeño, lo que sugiere el mayor consenso dentro de la raza, que puede sugerir la mayor definición del estándar de la raza, seguido de cerca por el CM. Las razas que presentan un consenso decreciente (residuales crecientes) con respecto al estándar de la raza son el CC y el CBOU, seguidas de PI y CB. El

CC fue la raza para la que se encontró el residual más elevado, lo que puede derivarse del hecho de que aún no existe una definición de un estándar oficial de la raza.

La Tabla S2 presenta los residuales por Elemento Estándar de Raza tras las transformaciones aplicadas, siendo la Posición de los Ojos (Baja/Central/Alta) y la Región Craneal (Proporciones de la Cabeza) las que exhiben el valor residual más alto (≈ 6). Esto sugiere una divergencia entre razas cuando se consideran estos elementos.

En cuanto a los residuales de las razas en el GPA, el CM; y finalmente el CR muestran el mayor consenso en cuanto a la definición de su conformidad con el estándar racial. En cuanto a las configuraciones del análisis, las variables con menor consenso en la definición de la raza tienen valores por encima de 1. Las variables con valores en torno a 6 incluyen la posición de los ojos y la proporcionalidad de la cabeza. Las variables con valores aproximadamente alrededor de 5 incluyen la longitud del pecho, la textura del manto, las faltas eliminatorias (flecós en la cola, capas no autorizadas, colores de ojos no autorizados) y la forma de las orejas. Las variables con valores en torno a 4 incluyen aspectos relacionados con la cabeza, como su forma, anchura, tamaño y longitud, así como la prominencia de la cresta occipital y la implantación de las orejas, además del perfil del cuello. También abarcan el pecho, considerando su anchura y desarrollo muscular, la forma de la grupa, la anchura de la espalda, la altura a la cruz y el peso en las hembras, la distribución de las manchas blancas en la capa, las faltas eliminatorias relativas a la anchura de la grupa y el reconocimiento de la raza y su clasificación oficial.

Las variables con valores cercanos a 3 abarcan el peso del macho, el grosor y desarrollo muscular del cuello, la forma del pecho, aspectos de la cabeza (forma, anchura, longitud, depresión frontonasal, definición muscular, color ojos, posición y presencia de pliegues en las orejas y color de los ojos), temperamento y comportamiento, capa, conformación de los dedos y presencia de "pies de liebre". También tienen en cuenta las faltas graves, como el stop prominente y el pecho abultado, así como las faltas eliminatorias, como la capa con despigmentación en la nariz y las mucosas, las manchas blancas en la capa u otras coloraciones, y la posición erecta de las orejas.

Las variables con valores en torno a 2 abarcan diversos aspectos, como la estructura de la cabeza, el desarrollo y el tono muscular, la alineación de los ejes craneales y faciales, la conformación de los músculos de la mandíbula, la separación de los ojos, el tipo de mordida, la expresión visible, los párpados (conformación, firmeza, definición), la forma y el tamaño de los ojos, el color de la nariz, el color de los labios y el tamaño de las orejas. También incluyen la longitud del cuello y la presencia de papada, la forma y longitud de los hombros, la profundidad del pecho, la longitud de la línea dorsal, la sección e implantación de la cola, el grosor de la piel, la presencia de pliegues cutáneos, la longitud y color del pelo, el ángulo escapulohumeral, la posición del codo, la posición del carpo y metacarpo, membrana interdigital, anchura del corvejón, ángulo coxofemoral, ángulo tibiotarsiano, longitud del dedo gordo, angulación tibiofemoral excesiva, altura en machos y hembras, tipo de movimiento, aspecto general, temperamento, función o uso, así como faltas graves (como pelo ondulado o excesivamente largo, cabeza con orejas caídas, prognatismo moderado, corvejón de vaca o de hoz, tipo de mordida en tijera, cabeza corta y ancha) y faltas eliminatorias (proporciones de altura a la cruz y altura a la grupa, cabeza con cráneo escalonado, cabeza con hocico excesivamente grande y babeo, pecho con esternón poco definido, carácter excesivamente tímido o miedoso, cabeza con orejas caídas después del año de edad, cabeza parecida a la de un mastín, vientre muy recogido, capacidad torácica limitada, pigmentación marrón o manchas negras en la nariz, tibias redondas y anchas con venas abultadas).

Las variables con valores próximos a 1 abarcan diversos aspectos, entre ellos, en la región craneal, la prominencia del surco frontal, las proporciones de la cabeza, el tamaño y la anchura del hocico y el perfil de la boca. También se evalúan la prominencia de la cruz, el perfil de la línea dorsal, la longitud de la cola, el desarrollo muscular de la grupa y aspectos de los miembros anteriores como el ángulo escapulohumeral, la región metacarpiana corta y recta y la conformación de los dedos. Además, se consideran defectos importantes como la punta de la cola blanca y defectos descalificantes como el cuello con doble papada, más grueso cerca del cráneo que en la base, cola excesivamente gruesa, dorso recto, dedos blancos, menos de 6 dedos, prognatismo, tipo de comportamiento. Otros aspectos que se evalúan son el

dimorfismo sexual, el reconocimiento y clasificación por la Real Sociedad Canina de España (RSCE) y la clasificación del tipo de raza por la Federación Cinológica Internacional (FCI).

Los factores de escala de las transformaciones del GAP se muestran en la Figura S1, indicando si ciertos elementos específicos dentro de la norma eran más o menos variables que otros.

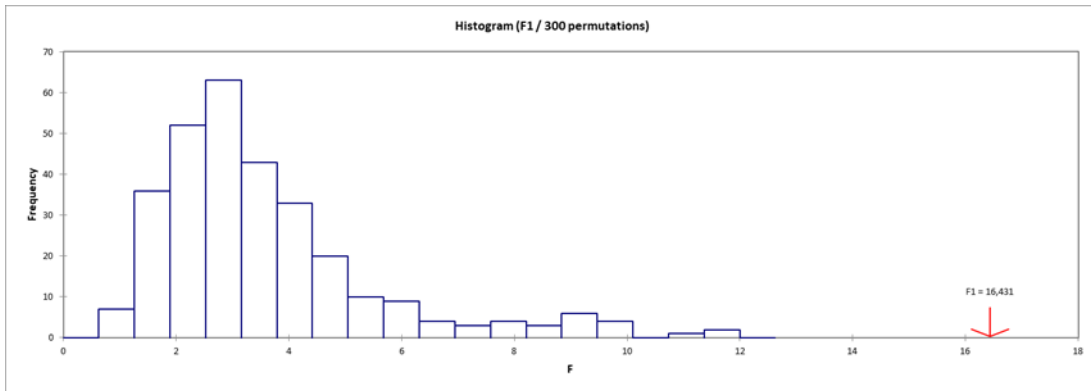


Figura 3. Histograma de la relación entre la proporción de la varianza original explicada por la configuración de consenso por 300 permutaciones.

Tabla 2. Resultados de la prueba de dimensiones.

Estadísticos	F1
Permutaciones	300
F	16
Cuantil	100
DF1	5
DF2	2052
F (Valor crítico)	2
p-valor	< 0.0001
Alpha	0.05

La configuración de consenso explica el 100% de la variabilidad original, y la Tabla 2 indica que una dimensión es suficiente, apoyada por el valor F por debajo del percentil 95 para la segunda dimensión (Figura 3).

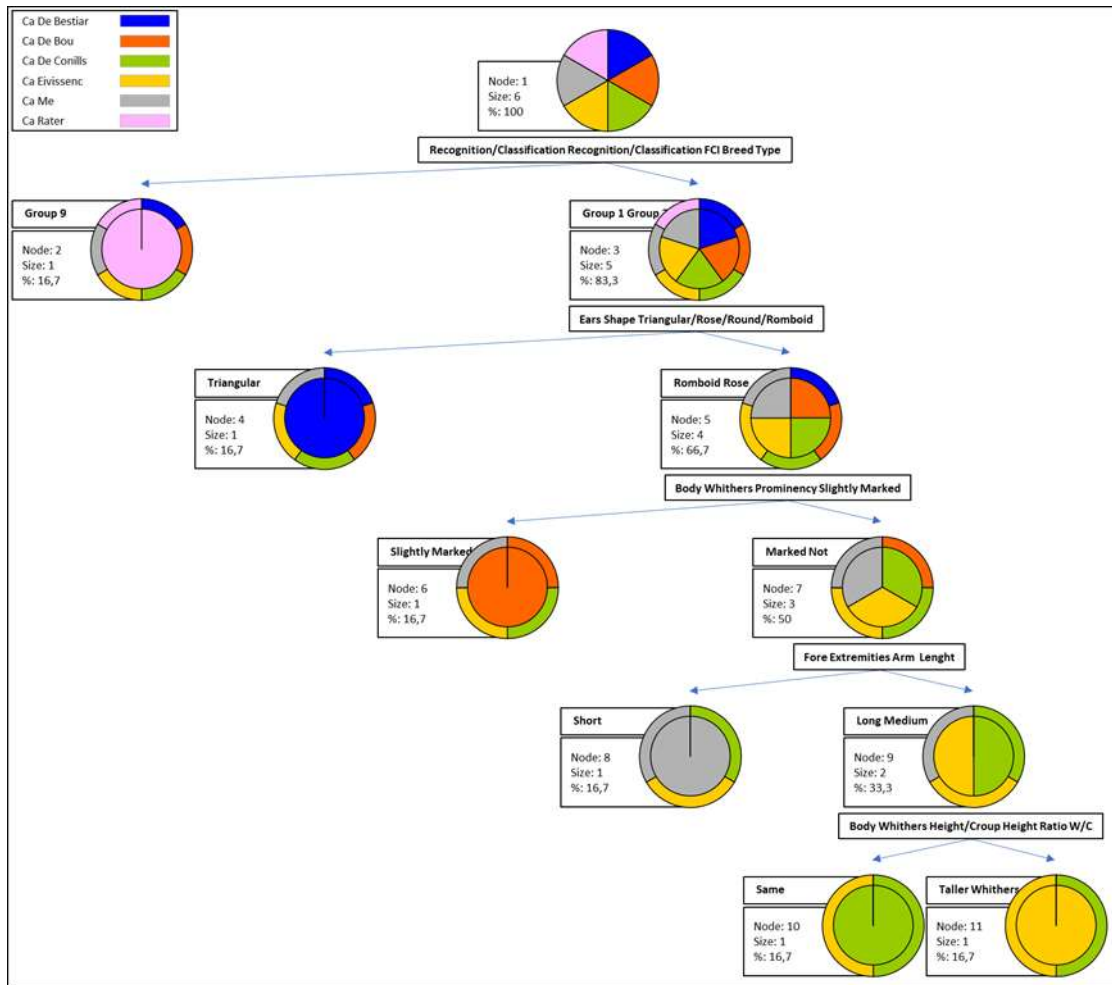


Figura 4. Árbol de decisión de Detección Automática de Interacciones Chi-cuadrado (CHAID) considerando elementos cualitativos en el estándar de la raza.

La variabilidad total del consenso, representada en dos ejes, sigue siendo coherente entre los elementos del estándar de raza, lo que indica homogeneidad y una eficacia razonable en la elección de estos elementos para constituir un estándar de raza en las razas caninas.

El análisis de permutación en nuestro estudio ha arrojado resultados significativos, con un valor de $P < 0,0001$. Las diferencias entre razas son aproximadamente 16 veces mayores que dentro de las razas, y una sola dimensión es suficiente para explicar la variabilidad existente entre estas razas. Esto indica que considerando todas las variables que hemos considerado en una función, somos capaces de explicar el 100% de la variabilidad observada entre las distintas razas.

En cuanto al árbol de decisión de detección automática de interacciones por Chi-cuadrado (CHAID) [11], se crearon dos árboles de regresión (figuras 4 y 5) separando las variables en elementos cualitativos y cuantitativos de los estándares de las razas para identificar los más relevantes a la hora de definir las diferencias entre razas caninas. En el primer árbol con variables cualitativas que se abordó está compuesto por 5 nodos padres/primarios, 11 nodos hijos/secundarios y 6 razas (objetos).

El nodo raíz fue la clasificación funcional de la raza según la FCI. Se generaron dos ramas, una con el grupo 9 de la FCI, que define al CR como animal de compañía, y otra con el resto de las razas con aptitud funcional. Esta última rama se bifurcaba en función de la forma de las orejas, una terminaba en CB, caracterizada por orejas triangulares, y la otra en orejas con forma de rosa o rombo. Esta última rama se dividía a su vez por la prominencia de la cruz, con un nodo para CBOU (cruz ligeramente marcada) y otro para razas con cruz marcada o no marcada. A partir de este último nodo, se produjo una bifurcación basada en la longitud de las extremidades anteriores, definiendo CM (longitud corta) por un lado y razas con longitud media por el otro. Esta última rama se dividió a su vez por la relación entre la altura a la cruz y la altura a la grupa, distinguiendo CC (misma proporción) y PI (mayor altura a la cruz que a la grupa). En el segundo árbol, con variables cuantitativas y una estructura de 9 nodos, incluidos 3 nodos padres, se abordaron 6 razas (objetos). En este caso, el nodo raíz se centró en la conformación del vientre recogido en diferentes razas. Surgieron tres ramas, dos de las cuales eran nodos terminales que distinguían CM por tener el vientre recogido y CB por tener el vientre ligeramente recogido. La tercera rama incluía el resto de las razas analizadas. Esta última bifurcación se dividió en tres ramas, siendo dos de ellas nodos terminales que diferenciaban CBOU, caracterizada por la mayor longitud corporal, y en el extremo opuesto, CR, que tiene la menor longitud corporal. La última rama se dedicó al resto de razas objeto de estudio. Este último conjunto se subdividió de nuevo, esta vez en función de la relación entre la altura a la cruz y la altura a la grupa, destacando CC por mantener una proporción uniforme y PI por presentar un mayor desequilibrio entre ambas medidas.

Un valor de resubstitución de 0,833 indica que el modelo predijo correctamente el resultado del 83,3% de los datos de entrenamiento. Un valor de validación cruzada de 1

indica que el modelo predijo correctamente el resultado del 100% de los datos de prueba 2. Además, los errores de resubstitución y validación cruzada fueron de 0,152 y 0,001 respectivamente.

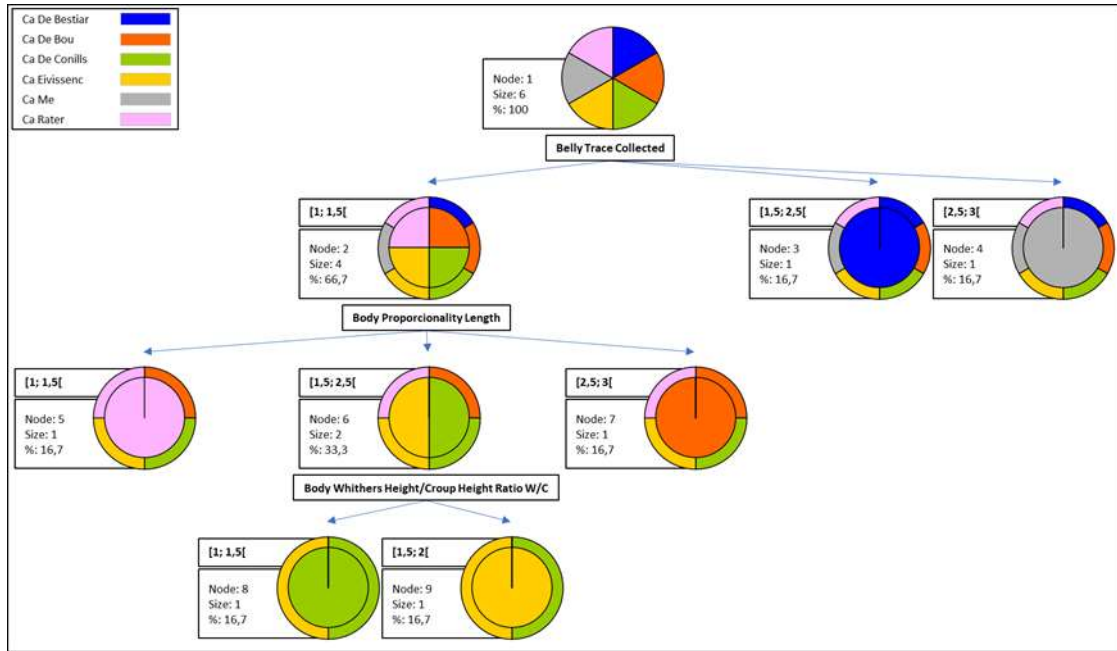


Figura 5. Árbol de decisión de Detección Automática de Interacciones Chi-cuadrado (CHAID) considerando elementos cuantitativos en el estándar de la raza.

La tabla S3 relaciona los resultados de CHAID DT y del GPA. Para ello, se calcularon correlaciones rho de Spearman de moderadas a fuertes ($\rho \geq |0,5|$ de Spearman) con cada una de aquellas variables que se consideraron significativas en el CHAID DT ($P < 0,001$), por lo que eran responsables de un nodo primario o secundario en torno a los elementos del estándar racial que diferencian principalmente a las distintas razas. Los valores de correlación de Spearman de 0,5 a 1 indican una relación positiva, mientras que los valores de -0,5 a -1 indican una relación monótona negativa. Después, estas correlaciones se contrapusieron a los residuales (que miden el consenso entre razas para los elementos del estándar racial) de GPA. Los residuales superiores a 1 marcan aquellos elementos del Estándar racial para los que se alcanzó un menor consenso entre razas, por lo tanto, fueron más distintivos a la hora de definir un Estándar racial.

Discusión

Las variables definitorias identificadas por el primer árbol de regresión para las variables cualitativas en los perros incluyen el reconocimiento oficial por la FCI, el tipo de oreja, la prominencia de la cruz, la longitud de las extremidades anteriores y la relación entre la altura a la cruz y la altura a la grupa. Entre estas variables, el nodo principal es la clasificación funcional de razas de la FCI, destacada por Alanzor Puente, et al. [14] como parámetro significativo que influye en la diversidad. El tipo de oreja, que distingue las razas, como señala A. Vaysse [15], y la presencia de manchas blancas en el cuerpo, vinculada a un número limitado de genes, como indican Dunner, et al. [16], son factores cruciales que afectan a las características de las razas. Además, se explora la relación entre la altura a la cruz y la altura a la grupa, lo que revela diferencias en las fuerzas verticales de reacción al suelo entre las extremidades anteriores y posteriores entre las razas [17]. La protrusión aguda del disco intervertebral toracolumbar se ha asociado a una mayor altura a la cruz en perros [18].

El segundo árbol de regresión para las variables cuantitativas revela que el abdomen retraído, la longitud del cuerpo y la relación entre la altura a la cruz y la altura a la grupa son variables definitorias clave. El principal nódulo de estas variables es el abdomen retraído, identificado por Jaén Téllez [19] como criterio diferenciador, como es el caso de la raza CBOU. La longitud del cuerpo, destacada por Delgado-Bermejo, et al. [20], presenta diferencias altamente significativas cuando se comparan variedades dentro de una raza.

Analizando los resultados del análisis Procrustes generalizado, el CC emerge como la raza con el patrón racial menos definido. Esto se alinea con el hecho de que el CC carece de un patrón racial oficial, ya sea formal o informalmente, y carece de reconocimiento oficial por parte del Ministerio, aunque está reconocida como agrupación racial por la Comunidad Autónoma de les Illes Balears. Se están realizando esfuerzos para establecer y publicar su patrón racial oficial. Le sigue de cerca en este sentido el CBOU, que sufrió modificaciones del estándar racial en 2017 [10]. A pesar de ser una raza con un patrón bien definido, las alteraciones realizadas en el estándar pueden haber contribuido a una falta de claridad en la diferenciación racial, como indican los resultados de la raza reportados en la Figura 2. Esta situación podría potencialmente plantear retos en el reconocimiento público del patrón

racial, enfatizando la importancia de considerar estas modificaciones a la hora de interpretar los resultados del análisis. Esto subraya la importancia, antes de modificar el estándar racial, de realizar estudios que respalden tales cambios. Los estándares raciales evolucionan con el tiempo no por el dinamismo de la raza sino en base a los conocimientos adquiridos y estudios realizados, considerando siempre la utilidad y funcionalidad en esta evolución [21]. De ahí que en la actualidad numerosas razas estén siendo objeto de propuestas de reforma de estándares [22].

En cuanto a las configuraciones del análisis PGA, destacamos la variable de reconocimiento de razas y su clasificación por parte de la RSCE y la FCI, posicionadas en el límite de consenso, como cruciales para definir una raza. Esto ocurre ya que no todas las razas consideradas en este estudio están actualmente reconocidas por la RSCE y la FCI o ambas, lo que por tanto se convierte en un fuerte factor discriminante. De acuerdo con León Gaudó, et al. [23], estas organizaciones, a través de sus normas, estrategias y herramientas, se encargan de la selección, estandarización, registro, mejoramiento y promoción de razas caninas reconocidas. La FCI garantiza el reconocimiento mutuo de los jueces y los pedigríes dentro de sus países miembros.

Dentro del análisis generalizado de Procruster, los resultados de permutación indican que el conjunto de variables utilizadas define efectivamente un patrón racial, permitiendo una clara diferenciación entre razas. Los estándares raciales que carecen de los datos considerados deben complementarse para lograr una definición más amplia y precisa. Por ejemplo, el estándar racial de la CBOU carece de detalles sobre la parte posterior. Además, razas como PI, CR y CM no proporcionan angulaciones aproximadas de las articulaciones en las extremidades delanteras y traseras. Además, el tema del dimorfismo sexual se aborda solo en CM, sin mención en el resto de las razas. Estas omisiones en la información pueden afectar la comprensión integral de las características raciales y los estándares de estas razas, lo que sugiere la necesidad de revisar y complementar la documentación existente.

En cuanto a la correlación entre los árboles de regresión y el análisis generalizado de Procrustes, las variables elegidas, con mayor correlación y menor consenso en la definición de un patrón racial, están estrechamente relacionadas con el reconocimiento y clasificación de la raza. Estas variables incluyen el reconocimiento oficial por parte de la FCI, la

configuración de las orejas, la prominencia de la cruz, la longitud de las extremidades delanteras, la relación entre la altura a la cruz y la altura a la grupa, el abdomen recogido y la proporcionalidad corporal.

Nuestros resultados sugieren que la clasificación en diferentes grupos de reconocimiento oficial por parte de la FCI puede centrarse en características corporales específicas cruciales para las diferencias de raza. Estos abarcan diversas características, como la prominencia de la cruz [19], la profundidad del pecho [24], la definición esternal, los colores aceptables de la capa [25], el grosor de la piel [26], y el ancho de la cola [27]. En la región craneal se consideran diferencias de tamaño [28], prominencia de la cresta occipital [29], definición de grupos musculares, conformación de los músculos de la mandíbula [30], color y forma de los ojos [25] y presencia de pliegues en las orejas [19]. El reconocimiento de la FCI también tiene en cuenta los defectos eliminatorios (algunos causantes de enfermedades), como el esternón mal definido, la despigmentación [31] o las manchas fuera de las zonas permitidas [32]. Además, se tienen en cuenta factores como la posición de las orejas [33], las proporciones excesivamente grandes del hocico con babeo [34] y la forma escalonada del cráneo [35], así como las desproporciones en la longitud del cuerpo [36] o la altura de la grupa en comparación con la altura de la cruz [36]. Además, las consideraciones generales abarcan el dimorfismo sexual [37], los rasgos de temperamento y comportamiento [38] y el peso masculino [39]. Por último, se considera el reconocimiento de la RSCE [40] y la funcionalidad [41].

Según nuestros hallazgos, la configuración de las orejas en los perros está relacionada con características corporales específicas que podrían ser cruciales para la diferenciación de la raza. Estas incluyen la prominencia de la cruz [19], la profundidad del pecho [24], el cuello [29], los hombros, el pecho y coloraciones y texturas de la capa [42]. En la región craneal, factores como la forma de la oreja [43], el tamaño, la estructura y las diferencias en la alineación entre los ejes craneal y facial [44], la definición de la depresión frontonasal y en cuanto a la oreja, su implantación [40], su posición [45], su forma [46] y presencia de pliegues. Los defectos eliminatorios abarcan varios aspectos, como el comportamiento [47], la capa [48], el ancho de la grupa [19], la papada del cuello [49], la angulación tibiofemoral excesiva [50] y la cola [51]. Las faltas graves incluyen aspectos relacionados con la capa [19], la cabeza, el

prognatismo [52] y las extremidades posteriores [30]. Además, las consideraciones generales involucran aspectos de apariencia relacionados con el tipo de movimiento [31], el temperamento y el comportamiento, así como el peso y la altura en ambos sexos. Por último, se hace hincapié en el reconocimiento y funcionalidad de la RSCE [23].

Nuestros resultados indican que la prominencia de la cruz en los perros está relacionada con características corporales específicas que podrían ser cruciales para distinguir entre razas caninas. Estos incluyen aspectos del cuello (presencia de papada, longitud, desarrollo muscular y grosor), del pecho (anchura y desarrollo muscular) [19] y de la prominencia esternal [53]), del hombros (longitud y forma) [40], de la forma del tórax [30], de la capa (longitud del cabello y variaciones de color), de la forma de la grupa [40], de la longitud de la línea dorsal [54], de las extremidades delanteras [44] (inclinación del carpo y metacarpo y posición del codo) [40], la presencia de membrana interdigital [45]), de las extremidades posteriores (ángulos y anchura del corvejón) [44], longitud del muslo [19] y de la longitud de la cola [22]. En la región craneal, la evaluación incluye la forma, la alineación de los ejes craneal y facial [44], la definición de la depresión frontonasal, las orejas (implantación, forma y altura) y el color de los ojos [55]. Los defectos eliminatorios abarcan varios aspectos, como el comportamiento, la capa, el ancho de la grupa, las extremidades delanteras, el cuello, las extremidades traseras y la cola. Las faltas graves incluyen una marca blanca en el pecho [29], todos los dedos blancos de un pie [56] y un pelaje ondulado [57] o excesivamente largo. Además, las consideraciones generales abarcan el dimorfismo sexual, el temperamento y los rasgos de comportamiento, así como el peso y el tamaño en ambos sexos. Por último, se destaca el reconocimiento y la funcionalidad de la RSCE [58].

Nuestros resultados sugieren que la longitud de las extremidades delanteras en los perros está asociada con características corporales específicas que podrían ser cruciales para distinguir entre razas caninas. Estas características incluyen la prominencia de la cruz [19], la prominencia del esternón, la longitud del cuello [40], la forma del hombro, la longitud de la línea dorsal y el ángulo escapulohumeral [59]. Se considera la longitud de los muslos, las características de la capa (longitud del pelo y variaciones de color), la cola (anchura, longitud o ausencia) [60] y las características craneales como la alineación de los ejes craneal y facial, la presencia de pliegues en las orejas, la forma de los ojos y la conformación de los músculos de

la mandíbula. Además, los defectos eliminitorios incluye el comportamiento, el pecho, la distribución de colores no deseados de la capa, las manchas, la pigmentación [19] y las características de las extremidades delanteras. Las faltas graves incluyen la marca blanca en el pecho [29], todos los dedos de un pie son blancos [56] y el pelaje excesivamente ondulado [57]. Las consideraciones generales abarcan aspectos del dimorfismo sexual, el temperamento y los rasgos de comportamiento, así como el peso y el tamaño en ambos sexos. Por último, se hace hincapié en el reconocimiento y la funcionalidad de la RSCE [23].

De acuerdo con nuestros resultados, la relación entre la altura a la cruz y la altura a la grupa en perros está relacionada con características corporales específicas cruciales para distinguir entre razas caninas. Estos incluyen aspectos de la profundidad del tórax [61], la presencia de papada, la conformación de la línea dorsal, las extremidades delanteras (posición del codo y ángulo escapulohumeral) [59], la conformación del pie en ambas extremidades [62], el grosor de la piel [26], las variaciones de la capa y el ancho de la cola. En la cabeza se considera la forma, el desarrollo muscular, la conformación de los músculos de los maxilares, el tipo de mordida, los ojos (forma, definición, disposición, color y conformación de los párpados) [63] y las orejas (forma, posición y presencia de pliegues). Los defectos eliminitorios incluyen la definición esternal, la distribución de color no deseada en la capa, varios rasgos de la cabeza y el cuello, así como desproporciones en la longitud del cuerpo o la altura de la grupa en comparación con la altura de la cruz. Las faltas graves incluyen mordedura de tijera [64], marcas no deseadas en la capa y orejas caídas [19]. Las consideraciones generales cubren aspectos del temperamento y los rasgos de comportamiento, así como el peso y el tamaño en ambos sexos. Por último, se destaca la funcionalidad del animal.

Nuestros resultados también indican que el abdomen recogido en los perros se asocia con características corporales específicas cruciales para distinguir entre razas caninas. Estos incluyen aspectos de la profundidad del pecho [61], las extremidades delanteras (inclinación del carpo y del metacarpiano), la conformación de los dedos y la presencia de pies de liebre [65] en ambas extremidades, el grosor de la piel, las variaciones de color de la capa y la longitud de la cola. En la cabeza se considera la forma, la estructura, el desarrollo muscular, el color de los labios [29], las orejas (tamaño y posición) y el color de la nariz [25]. Además, las faltas graves y defectos eliminitorios incluyen rasgos de conformación de las orejas no deseados

[45]. Las consideraciones generales cubren aspectos del temperamento y los rasgos de comportamiento del animal.

De acuerdo con nuestros resultados, la proporcionalidad corporal en perros está relacionada con características corporales específicas cruciales para distinguir entre razas caninas. Estos incluyen aspectos de la profundidad del pecho, la presencia de papada [49], la conformación de la línea dorsal, las extremidades delanteras (posición del codo) [40] y las características de los dedos, la piel (grosor y presencia de pliegues), las variaciones de la capa [66] y el ancho de la cola. En la cabeza se considera la definición, el desarrollo muscular, la conformación de los músculos de los maxilares, el tipo de mordida, los ojos (conformación, definición, forma, color y conformación palpebral) [63] y las orejas (forma, posición y presencia de pliegues). Además, los defectos eliminatorios abarcan la conformación del abdomen [19], el tórax, la definición del esternón, la capacidad torácica [45], la capa, la cabeza, el cuello y el ancho de la cola. Las faltas graves incluyen orejas caídas, problemas en las extremidades traseras, prognatismo, tipo de mordida y características de la capa. Las consideraciones generales involucran aspectos del tipo de movimiento [31], el temperamento y los rasgos de comportamiento, así como el peso y el tamaño en ambos sexos. Por último, se destaca el reconocimiento de la RSCE y la funcionalidad [58].

Conclusiones

En conclusión, el análisis de CHAID y Procrustes generalizado ofrece información crucial sobre la definición de variables para las razas caninas y su impacto en la diferenciación de razas. Los estándares de raza que carecen de ciertas variables deben completarse para mayor precisión, ya que las omisiones pueden afectar la comprensión general de las características raciales. Las alteraciones de los patrones raciales pueden afectar negativamente al reconocimiento público. Si bien ciertos rasgos morfológicos son cruciales, el estado de reconocimiento y la funcionalidad de una raza son decisivos para una implementación exitosa. Los hallazgos subrayan la naturaleza dinámica de los estándares de la raza, lo que requiere una investigación continua para obtener descripciones precisas. Se insta a la precaución en las modificaciones, que requieren una validez respaldada por la evidencia. Las

principales variables definitorias incluyen la clasificación funcional, la configuración de las orejas, la prominencia de la cruz, la longitud del brazo, la relación entre la altura de la cruz y de la grupa, la forma del abdomen y la proporcionalidad corporal. El camino hacia el reconocimiento de las razas autóctonas locales implica fases autonómicas, nacionales e internacionales, lo que refleja el compromiso y la complejidad. En las Islas Baleares, existen diversos niveles de reconocimiento, con una raza como el CC, reconocidas a nivel autonómico que busca el reconocimiento oficial nacional, y razas como el CR y el CM para las cuales la RSCE reconoce el estatus de recuperación, las cuales pueden sobresalir como prometedoras candidatas al reconocimiento por la RSCE y por la FCI, mostrando su dedicación al reconocimiento mundial.

Contribuciones de los autores:

Conceptualización, José Manuel Alanzor Puente y Francisco Javier Navas González; Curación de datos, José Manuel Alanzor Puente, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza y Francisco Javier Navas González; Análisis formal, José Manuel Alanzor Puente, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza y Francisco Javier Navas González; Adquisición de fondos, Águeda Laura Pons Barro y Juan Vicente Delgado Bermejo; Investigación, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Metodología, José Manuel Alanzor Puente, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza y Francisco Javier Navas González; Administración del proyecto, Águeda Laura Pons Barro y Juan Vicente Delgado Bermejo; Recursos, Águeda Laura Pons Barro y Juan Vicente Delgado Bermejo; Software, José Manuel Alanzor Puente, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza y Francisco Javier Navas González; Supervisión, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Validación, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Visualización, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Escritura - borrador original, José Manuel Alanzor Puente y Francisco Javier Navas González;

Escritura - revisión y edición, Águeda Laura Pons Barro, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. Todos los autores leyeron y estuvieron de acuerdo con la versión publicada del manuscrito.

Financiación

La presente investigación se llevó a cabo durante el periodo de cobertura de un Contrato Post-doctoral Ramón y Cajal con la referencia MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea "NextGenerationEU"/PRTR.

Declaración de la Junta de Revisión Institucional

No aplica.

Declaración de consentimiento informado

No aplica.

Declaración de disponibilidad de datos

Los datos se pondrán a disposición del autor correspondiente previa solicitud razonable. Tabla S1: Estándar Oficial de Razas de Perros Baleares (Ca de Bou, Ca de Bestiar, Ca de Rater, Ca Mè y Podenco Ibicenco) y agrupación racial (Ca de Conills). La Tabla S2 presenta los residuales por Elemento Estándar de Raza tras las transformaciones aplicadas. La tabla S3 relaciona los resultados de CHAID DT y del análisis Procrustes generalizado (GPA).

Reconocimientos

Los autores expresan su sincero agradecimiento a la Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club

Espanyol del Ca Rater Mallorquí y Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya por su inestimable apoyo y colaboración en la publicación de ideas y datos esenciales que finalmente se utilizaron para este estudio. El compromiso y dedicación de estas organizaciones a la preservación y promoción de las razas caninas en las Islas Baleares han enriquecido significativamente la investigación, permitiendo su comprensión integral y permitiendo la evaluación de la dinámica genética y los patrones evolutivos de las razas y agrupación racial presentes en el archipiélago. Su experiencia y contribuciones han sido fundamentales para avanzar en nuestro conocimiento de las poblaciones de razas, lo que refleja su profundo compromiso con la conservación y el bienestar de estas razas caninas puras.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

Referencias

1. Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural Decret 5/2007, de 2 de febrer, pel qual s'aprova el Catàleg d'agrupacions racials dels animals domèstics autòctons de les Illes Balears i es regulen les entitats dedicades a fomentar-los. BOIB núm. 020, de 8 de febrer de 2007, Mallorca, Spain.
2. Navas, F.J. II Jornada sobre el Ca de Conill de Menorca. 30 April to 1st May, 2022, Mercadal, Menorca, Spain, 2023.
3. Anguera Sansó, B. *Races Autòctones de les Illes Balears*; Conselleria d'Agricultura i Pesca. Govern de les Illes Balears, 2003.
4. León Gaudó, E.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M. *Reglamentos y recomendaciones de cría canina en diferentes razas: ejemplos nacionales e internacionales*. 2021.
5. Payeras, LL.; Falconer, J.. *El Ca Rater Mallorquí*; Oficina de la caça. Departament de Medi Ambient i Natura. Consell de Mallorca: Mallorca, Spain, 1998.
6. Puigserver i Gil de Sola, G. *Els animals domèstics de raça autòctona de Mallorca*. PRAM (Patronat de les Races Autòctones de Mallorca): Mallorca, Spain, 1998.
7. Gual Fournier, S. *El Ca de Bou. El mítico Perro de Presa Mallorquí*; Ed. Sergio Gual Fournier: Mallorca, Spain, 2010.
8. Ministerio español de Agricultura, Pesca y Alimentación. Orden APA/807/2004, de 24 de marzo, Por el que se modifica el anexo del Real Decreto 558/2001, de 25 de mayo, Por la que se regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura. «BOE» No. 77 de 30 Marzo 2004, pp. 13430-13435.

9. Barbosa Mireles, M.A.; López Islas, R.J. *Zootecnia de Perros y Gatos*. Universidad Autónoma del Estado de México, México, 2013.
10. Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural. Decree 8/2017, of February 17, which regulates the racial prototype of the ca de bou, BOCAIB of February 18, 2017, Mallorca, Spain.
11. Earl, D.A.; VonHoldt, B.M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conserv. Genet. Resour.* **2012**, *4*, 359–361.
12. Dijksterhuis, G.B.; Gower, J.C. The interpretation of generalized procrustes analysis and allied methods. *Food Qual. Prefer.* **1991**, *3*, 67–87.
13. Goodall, C. Procrustes methods in the statistical analysis of shape. *J. R. Stat. Soc. Series B Stat. Methodol.* **1991**, *53*, 285–321.
14. Alanzor Puente, J.M.; Pons Barro, Á.L.; de la Haba Giraldo, M.R.; Delgado Bermejo, J.V.; Navas González, F.J. Does functionality condition the population structure and genetic diversity of endangered dog breeds under island territorial isolation? *Animals* **2020**, *10*, 1893.
15. Vaysse, A.; Ratnakumar, A.; Derrien, T.; Axelsson, E.; Rosengren Pielberg, G.; Sigurdsson, S.; Fall, T.; Seppälä, E.H.; Hansen, M.S.; Lawley, C.T. Identification of genomic regions associated with phenotypic variation between dog breeds using selection mapping. *PLoS genetics* **2011**, *7*, e1002316.
16. Dunner, S.; Sevane, N. Genética de la coloración de capas y mucosas en el perro y en el gato. *Canis et Felis* **2014**, *130*, 1–33.
17. Voss, K.; Wiestner, T.; Galeandro, L.; Hässig, M.; Montavon, P. Effect of dog breed and body conformation on vertical ground reaction forces, impulses, and stance times. *Vet. Comp. Orthop. Traumatol.* **2011**, *24*, 106–112.
18. Levine, J.M.; Levine, G.J.; Kerwin, S.C.; Hettlich, B.F.; Fosgate, G.T. Association between various physical factors and acute thoracolumbar intervertebral disk extrusion or protrusion in Dachshunds. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* **2006**, *229*, 370–375.
19. Jaén Téllez, J.A. El perro ratonero-bodeguero andaluz. Diferencias con otros terriers y ratoneros españoles. *REDVET Rev. electrón.* **2012**, *13*.
20. Delgado-Bermejo, J.; Barba Capote, C.; Caballero, P.; Castro, R. Diferenciación de ecotipos en el perro de agua español. *Arch. Zootec.* **1998**, *47*, 445–449.
21. Jaén Téllez, J.A. Evolución del Patrón Racial del Perro Ratonero-Bodeguero Andaluz. *Información Veterinaria* **2012**, *23*–27.
22. Salas Aznar, M.; Cepero Briz, R.; Monteagudo Ibáñez, L.V. Evolución y situación actual de la raza canina Mastín del Pirineo. Final Degree Project, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain, 2018.
23. León Gaudó, E.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M. Reglamentos y recomendaciones de cría canina en diferentes razas: ejemplos nacionales e internacionales. Final Degree Project, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain, 2021.
24. Liotta, L.; Bionda, A.; Cortellari, M.; Negro, A.; Crepaldi, P. From phenotypical to genomic characterisation of the mannara dog: An Italian shepherd canine resource. *Ital. J. Anim. Sci.* **2021**, *20*, 1431–1443.
25. Álvarez, J.; Jiménez, L.; Martínez, R.; Rodríguez, Y.; Mendoza, L.; Leal, J.; Atehortua, M.; Camargo, J.; Sánchez, C. Comparación De Características Fanerópticas Entre Cuatro Razas De Sabuesos Y El Sabueso Fino Colombiano. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal AICA* **2015**, *6*, 372–380.

26. Castellanos, G.C.; Rodríguez, G.; Iregui, C.A. Estructura histológica normal de la piel del perro (Estado del arte). *Rev. Med. Vet.* **2005**, *1*, 109-122.
27. Mansour, T.A.; Lucot, K.; Konopelski, S.E.; Dickinson, P.J.; Sturges, B.K.; Vernau, K.L.; Choi, S.; Stern, J.A.; Thomasy, S.M.; Döring, S. Whole genome variant association across 100 dogs identifies a frame shift mutation in DISHEVELLED 2 which contributes to Robinow-like syndrome in Bulldogs and related screw tail dog breeds. *PLoS genetics* **2018**, *14*, e1007850.
28. Burbano López, C.E.; Castro Ordóñez, M.L. Desarrollo de un software como herramienta para el reconocimiento de patrones faciales caninos. Final Degree Project, Universidad del Azuay, Cuenca, Ecuador, 2021.
29. De Giuliani, C. *Enciclopedia de los perros de caza*; Parkstone International: New York, USA, 2020.
30. Cuomo, U. *El staffordshire bull terrier y el american staffordshire terrier*; Parkstone International: New York, USA, 2017.
31. Daniels-Moulin, M.-P. *El caniche*; Parkstone International: New York, USA, 2020.
32. Dupuis, C. *los retriever el labrador, el golden retriever y los otros retriever*; Parkstone International: New York, USA, 2018.
33. Ferrari, F. *El dálmata*; Parkstone International: New York, USA, 2020.
34. Gracia, M.C. *El perro de presa canario:(su verdadero origen)*; M. Curtó Nueva Gráfica: La Laguna, Tenerife, Spain, 1991.
35. Budiansky, S. *The truth about dogs: the ancestry, social conventions, mental habits and moral fibre of canis familiaris*; Hachette UK: London, UK, 2016.
36. Rudd Garcés, G. Análisis genético de enfermedades osteoarticulares en animales de compañía. Phd Thesis. Universidad Nacional de La Plata, 2022.
37. Fernández, G.; Silveira, C.; Barba Capote, C. Primeros datos de la caracterización etnológica del perro cimarrón. *Arch. Zootec.* **2002**, *52*, 223-228.
38. Vásquez Soto, B. Criterios de selección de perros de intervención asistida. Master Final degree Project, Universidad Internacional de Andalucía, Sevilla, Spain, 2022.
39. Rubio, M.C.; Briz, R.C.; de Luján, S.H. Estudio etnológico del Perro Ratonero Valenciano (Gos Rater Valencià): resultados preliminares. *Arch. Zootec.* **1998**, *47*, 479-486.
40. Korta Sukia, G.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M.T. Caracterización y situación actual del Perro Pastor Vasco. Final Degree Project, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain.
41. Gómez Fernández, M. Diferentes razas y agrupaciones raciales caninas vascas. *Naturzale* **1999**, *14*, 181-184.
42. Pedreros Castellanos, F.M.; Soler Morantes, P.C. Propuesta para la incorporación de pelaje de perro de raza samoyedo como insumo textil para la unidad productiva la espiga en Cucaita Boyacá. **2022**.
43. Silveira, C.; Capote, C.B.; Fernández, G. El perro Cimarrón, la raza canina autóctona del Uruguay. *Arch. Zootec.* **1998**, *47*, 533-536.
44. Martínez, R.; Jiménez, L.; Álvarez, J.; Rodríguez, Y.; Atehortua, M.; Camargo, J.; Leal, J.; Sánchez, C.; Mendoza, L. Caracterización Morfológica De La Raza Sabueso Fino. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal AICA* **2015**, *6*, 360-371.

45. Osorio Málaga, J.O.; Gálvez Ramírez, C. El viringo, el perro sin pelo del Perú. *Revista De Arquitectura UNIFE* **2015**, *2*, 57-82.
46. Asociación Canina de la Comunidad Autónoma de Murcia. Estudio Sobre El Ratonero Murciano. Murcia, Spain, 2015.
47. Duffy, D.L.; Hsu, Y.; Serpell, J.A. Breed differences in canine aggression. *Appl. Anim. Behav. Sci.* **2008**, *114*, 441-460.
48. Gagliardi, R. Análisis de genes relacionados con la farmacogenética en caninos de diferentes razas en Uruguay. Phd Thesis. Universidad de la República, Uruguay, 2014.
49. Franco, A. *Los schnauzer: cómo escoger el cachorro adecuado-comunicación educación y adiestramiento-alimentación-salud acicalamiento-reproducción*; Parkstone International: New York, USA, 2017.
50. Corteggiano, M.F. Examen ecografico de la articulacion femorotibiorrotuliana del perro. Degree Final Project, Universidad Nacional De Río Cuarto, Argentina, 2018.
51. Beuk, S.; Melero Soler, S.; Sastre Català, M. El secreto del pedigrí. Patologías asociadas a los perros de raza. Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain, 2013.
52. Cunliffe, J. *Bichon frisé*; Editorial Hispano Europea: L'hospitalet de Llobregat, Barcelona, Spain, 2000.
53. González, A.; Luque, M.; Herrera, M.; González, C.; Angón, E.; Rodero, E. Usefulness of discriminant analysis in the morphofunctional classification of Spanish dog breeds. *Arch. Anim. Breed.* **2014**, *57*, 2.
54. Orozco Cruz, R.E.; Ramírez Canseco, A.; Patiño Galvéz, N.I. Manual zootécnico del perro, Final Degree Project. University of Guadalajara, Las Agujas, Nextipac Jalisco, Mexico, 1998.
55. Fiala, I. Dog breeds: the canine version of a socially constructed race. *Humanities and Social Sciences Review*, **2013**, *2*, 137-144.
56. Schmutz, S.M.; Berryere, T.G.; Dreger, D.L. MITF and white spotting in dogs: a population study. *¿. Hered.* **2009**, *100*, S66-S74.
57. Sponenberg, D.P. Genetics of coat colour and hair texture. *The genetics of the dog*, CABI Publishing: Wallingford, UK, 2001, 61-85..
58. Barrios, N.; Fuenzalida, A.; Gómez, M.; Heuser, C.; Muñoz, R.; Ostrander, E.A.; Parker, H.G.; González-Lagos, C. The Patagonian Sheepdog: historical perspective on a herding dog in Chile. *Diversity* **2019**, *11*, 245.
59. Sechi, S.; Polli, M.; Marelli, S.; Talenti, A.; Crepaldi, P.; Fiore, F.; Spissu, N.; Dreger, D.L.; Zedda, M.; Dimauro, C. Fonní's dog: morphological and genetic characteristics for a breed standard definition. *Ital. ¿. Anim. Sci.* **2017**, *16*, 22-30.59.
60. Costa, G.; Estevez, J.; Gorozurreta, A. Estudios genéticos en la raza canina cimarrón uruguayo. Final Degree Project. Universidad de la República, Uruguay, 2007.
61. Urosevic, M.; Drobnjak, D.; Stojic, P.; Oğrak, Y.Z. Morphometric characterization of the Akbaş (Akbash) Turkish shepherd dog. *Turk. ¿. Agric. Food Sci. Tech.* **2020**, *8*, 1571-1576.
62. Bettencourt, A. *Boston Terrier*; Editorial Hispano Europea: L'hospitalet de Llobregat, Barcelona, Spain, 2002.
63. O'Neill, D.G.; Yin, Y.; Tetas Pont, R.; Brodbelt, D.C.; Church, D.B.; Pegram, C.; Mustikka, M. Breed and conformational predispositions for prolapsed nictitating membrane gland (PNMG) in dogs in the UK: A VetCompass study. *Plos one* **2022**, *17*, eo260538.

64. Eisner, E. R. Vestibule deepening procedure for tight lip syndrome in the Chinese Shar-pei dog. *J. Vet. Dent.*, **2008**, 25, 284-289.
65. Rodríguez, A.M.D. Recuperación Y Reconocimiento Formal De La Raza Canina Pastor Garafiano. *Rev. Est. Gen. Isla Palma* **2005**, 91-116.
66. Cadieu, E.; Neff, M.W.; Quignon, P.; Walsh, K.; Chase, K.; Parker, H.G.; VonHoldt, B.M.; Rhue, A.; Boyko, A.; Byers, A. Coat variation in the domestic dog is governed by variants in three genes. *Science* **2009**, 326, 150-153.

3.2 Fenómica Canina de Precisión: Aprovechando el Rigor Estadístico con las Correlaciones de Spearman y los Residuos de Procrustes para la Selección de los Elementos de los Estándares de Razas

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza ², Carmen Marín Navas ³, Carlos Iglesias Pastrana ³, Inés Concepción Felipe ³, Juan Vicente Delgado Bermejo ³ y Francisco Javier Navas González ^{3*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural Govern Illes Balears, 07009 Palma, España.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, España.

³ Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.

Información sobre el indicador de calidad que figura en la publicación *Información más reciente disponible (2022)

Estado del manuscrito: Publicado

Revista (año, volumen, páginas): Archivos de Zootecnia, Año 2023, Volumen 72, Número 280, Páginas 294-302.

Base de datos internacional en la que está indexada: ScimagoJournal & Country Rank (SJR)

Área temática en la base de datos de referencia: Animal Science and Zoology

Índice de impacto de la revista en el año de publicación del artículo: 0.17

Clasificación/número de revistas en el área temática: 216/447 (Q4)

Resumen

En esta exhaustiva exploración de la precisión en la definición de los estándares de raza canina, el artículo emplea herramientas analíticas avanzadas, como las correlaciones de Spearman y los residuos de Procrustes, para evaluar las relaciones entre variables zoométricas, fanerópticas y de comportamiento. Las correlaciones de Spearman cuantifican las asociaciones entre rasgos, guiando la priorización de elementos para estándares de raza sólidos, mientras que los residuos de Procrustes añaden una dimensión geométrica, revelando sutiles desviaciones morfológicas. La integración sinérgica de análisis estadísticos y geométricos marca un cambio de paradigma en la selección de estándares de raza, capacitando a los interesados para navegar la complejidad de las variables. La evaluación sistemática de diversos rasgos físicos y temperamentales en perros asegura una comprensión holística, y la aplicación de medidas estadísticas en razas de perros de las Islas Baleares identifica elementos obligatorios y revela combinaciones que indican la falta de rasgos distintivos. Los hallazgos ofrecen valiosas perspectivas para criadores, entusiastas y jueces, guiándolos para adherirse a estándares reconocidos y preservar las cualidades distintivas de la raza.

Palabras claves

Precisión; Paisaje Fenómico; Rasgos Fenotípicos; Relaciones Multifacéticas; Metodologías Analíticas Avanzadas.

Introducción

En el dinámico panorama de la genómica y fenómica canina, la búsqueda de precisión en la definición de los estándares de raza requiere metodologías analíticas avanzadas. Esta exploración técnica se centra en la aplicación estratégica de las correlaciones de Spearman y los residuos de Procrustes, adentrándose en las intrincadas relaciones que abarcan variables zoométricas, fanerópticas y de comportamiento. Al desentrañar estas complejidades estadísticas y geométricas, este artículo tiene como objetivo proporcionar a los entusiastas de las razas, genetistas e investigadores una comprensión integral de cómo estas herramientas se combinan de manera sinérgica para elevar la precisión y sofisticación en la selección de estándares de raza.

Las correlaciones de Spearman [1] ofrecen un marco estadístico sólido para evaluar la fuerza y la direccionalidad de las relaciones entre las dimensiones zoométricas, las características fenotípicas y los rasgos de comportamiento dentro de una raza [2]. Al someter los datos a rigurosos análisis de correlación, los investigadores pueden cuantificar el grado de asociación entre las variables. Este enfoque cuantitativo no sólo identifica las relaciones clave, sino que también sirve de base para priorizar los rasgos en la construcción de estándares raciales exhaustivos.

Como complemento de las correlaciones de Spearman, el análisis de Procrustes introduce una dimensión geométrica en el estudio de los rasgos morfológicos [3]. Al superponer puntos de referencia morfológicos, los residuos de Procrustes revelan las sutiles desviaciones entre las configuraciones observadas y las predichas. Este escrutinio geométrico, arraigado en la morfometría basada en puntos de referencia, proporciona una comprensión matizada de la conformación y el comportamiento canino. Como resultado, los residuos de Procrustes se convierten en un instrumento para discernir variaciones intrincadas y guiar la selección de elementos que contribuyen a la identidad distintiva de una raza.

La sinergia entre las correlaciones de Spearman y los residuos de Procrustes marca un cambio de paradigma en la selección de estándares de raza. Mediante una integración armoniosa de los análisis estadísticos y geométricos, los criadores e investigadores pueden navegar por la compleja red de variables que definen la identidad de una raza. Este enfoque holístico permite

a los interesados tomar decisiones con conocimiento de causa, no sólo basadas en la significación estadística, sino también en los matices geométricos que contribuyen al panorama fenotípico y conductual general.

Este artículo pretende servir de guía exhaustiva para la aplicación técnica de las correlaciones de Spearman y los residuos de Procrustes en la búsqueda de una fenómica canina de precisión. Al combinar el rigor estadístico con los conocimientos geométricos, la selección del estándar racial se convierte en un proceso meticuloso y sofisticado, que garantiza que cada elemento contribuya de forma significativa al tapiz de la identidad de una raza.

Materiales y Métodos

Elementos de los Estándares de la raza

Una evaluación exhaustiva de los estándares raciales disponibles de razas caninas de baleares se llevó a cabo siguiendo un enfoque lógico y sistemático para evaluar las diferencias entre razas.

La información presente en los estándares raciales fue organizada en los siguientes clústeres; abdomen, cuerpo, pecho, capa, región craneal, grupa, línea dorsal, orejas, defectos eliminatorios, párpados, ojos, talla en hembras, extremidades delanteras, apariencia general, cabeza, mandíbula, labios, lomo, faltas graves, talla del macho, faltas leves, hocico, movimientos, cuello, paladar, extremidades posteriores, reconocimiento/clasificación, espalda, piel, trufa, cola, dientes, tórax y usos.

Este método estructurado garantiza un conocimiento profundo de la conformación del perro, abarcando diversos aspectos en un orden metódico.

La evaluación comienza con la fase de Reconocimiento/Clasificación de la raza, teniendo en cuenta factores como la consideración de raza oficialmente reconocida, el reconocimiento de la Real Sociedad Canina Española (RSCE), la oficialidad y el tipo de raza dentro de la Federación Cinológica Internacional (FCI). Esto proporciona una base para comprender el pedigrí del perro y su clasificación dentro de los estándares reconocidos.

Pasando a la Apariencia General, la evaluación abarca el dimorfismo sexual, centrándose en si está presente o no, y en cualquier rasgo específico de dimorfismo que pueda observarse. A continuación, se examinan en detalle los rasgos de temperamento y comportamiento. Rasgos como la tranquilidad, el coraje, la valentía, la sociabilidad y otros contribuyen a una comprensión holística de la personalidad y la disposición del perro.

A continuación, la evaluación profundiza en las consideraciones de tamaño y peso, diferenciando entre hembras y machos. Los parámetros incluyen la altura a la cruz y el peso, proporcionando información sobre la constitución física y las proporciones del perro.

La evaluación continua con la revisión de caracteres más específicos como la cabeza y las características relacionadas, examinando la estructura, el tamaño, la forma, la longitud, las proporciones, el desarrollo muscular, la simetría y la definición de los grupos musculares. Este examen minucioso se extiende a las mandíbulas y los labios, considerando la conformación de los músculos de la mandíbula, el tamaño y el color de los labios.

A continuación, se examina el hocico en cuanto a tamaño, color y anchura, lo que permite conocer las características faciales del perro. Se evalúan el tamaño, la forma, el color, la vista/expresión, la separación y la posición de los ojos.

En cuanto a las orejas, se tienen en cuenta su forma, implantación, tamaño, posición y presencia de pliegues. En el cuello se evalúa el desarrollo muscular, el grosor, la inserción, el perfil, la longitud y la presencia o ausencia de papada.

En el tórax y la grupa se evalúan la forma, el desarrollo muscular y otras características pertinentes, y a continuación se examinan los hombros, la línea dorsal y las extremidades anteriores. Parámetros como la longitud del brazo, la posición del codo, el carpo, el metacarpo, la disposición de los dedos y otros contribuyen a una comprensión completa de las extremidades anteriores.

La evaluación se extiende a las extremidades posteriores, teniendo en cuenta el desarrollo muscular, la longitud de los muslos y las patas, la anchura de los corvejones, la disposición de los dedos y los ángulos de las distintas articulaciones. A continuación, se examinan la implantación, la longitud, el trazo, el nacimiento y la sección de la cola.

La valoración incluye una evaluación de la Capa, que abarca la textura del pelo, longitud, color y diversas características relacionadas con el pelaje.

Los Defectos Eliminatorios se consideran meticulosamente, abarcando una gama de faltas en diferentes regiones del cuerpo, asegurando un examen crítico de las posibles desviaciones del estándar.

La categoría de Faltas leves se refiere a problemas de comportamiento, irregularidades de la cola y falta de premolares. Por el contrario, la categoría de Faltas Graves destaca las desviaciones más graves, incluida la altura a la cruz que sobrepasa la grupa, varias faltas relacionadas con la boca, cola de bulldog e irregularidades de la capa.

También se tiene en cuenta el uso o funcionalidad del perro, que proporciona un contexto para la evaluación. El escrutinio posterior incluye el paladar, los dientes, los párpados, los movimientos y la piel, explorando diversas características relacionadas con estos rasgos.

Este enfoque estructurado y sistemático garantiza una evaluación completa y matizada, que abarca todos los aspectos de los rasgos físicos y temperamentales de un perro, al tiempo que considera los posibles defectos y desviaciones del estándar.

Correlaciones rho de Spearman y Residuos de Procrustes

XLSTAT Versión 2014.5.03 para calcular las correlaciones rho de Spearman y los residuos de Procrustes para estudiar los rasgos caninos que comprenden los estándares de las razas caninas de baleares. Para las correlaciones de Spearman, clasificamos las variables para comprender sus relaciones, y XLSTAT generó resultados con coeficientes de correlación y valores p. Al analizar las diferencias de forma mediante el análisis de Procrustes, XLSTAT comparó dos conjuntos de datos de puntos de referencia, ayudando a determinar las variaciones de forma entre los conjuntos de datos mediante el cálculo de los residuos de Procrustes. La versión 2014.5.03 de XLSTAT resulta muy útil para simplificar y mejorar la exploración de las características morfológicas, fanerópticas y de comportamiento de los caninos.

Tabla 1. Residuales medios derivados del análisis Procrustes por elemento y rasgo del estándar racial.

Elemento y características estándar de la raza	Promedio de Residuales por Elemento Estándar de Raza (en negrita) /Residuales Parciales por Característica
Abdomen	0.193
Forma	0.193
Cuerpo	0.834
Proporcionalidad	0.227
Altura de la cruz/Altura de la grupa	0.231
Prominencia Cruz	1.197
Piel de la Cruz	3.515
Anchura de la Cruz	0.215
Pecho	3.383
Profundidad	2.362
Longitud	5.097
Desarrollo muscular	3.515
Esternón	2.425
Ancho	3.515
Capa	1.756
Color del pelo	1.506
Longitud del pelo	2.425
Textura del pelo	5.096
Región Craneal	2.748
Alineación de los ejes craneal y facial	1.715
Proporciones aproximadas	2.963
Forma y anchura de la frente	2.215
Surco frontal	0.968
Depresión frontonasal	3.405
Cresta occipital	4.482
Anchura y longitud	3.279

Elemento y características estándar de la raza	Promedio de Residuales por Elemento Estándar de Raza (en negrita) /Residuales Parciales por Característica
Grupa	2.206
Desarrollo muscular	0.900
Forma	3.512
Línea dorsal	1.316
Largura	2.426
Desarrollo muscular	0.218
Perfil	1.303
Orejas	3.323
Presencia de pliegue	3.451
Implantación	3.512
Position	3.341
Forma	4.524
Tamaño	1.785
Defectos eliminatorios	1.338
Esternón	0.968
Comportamiento	1.481
Abdomen	1.862
Pecho	2.169
Capa y Faneróptica	2.201
Grupa	3.511
Extremidades anteriores	0.839
Cabeza	1.318
Altura a la cruz	0.054
Boca	0.329
Cuello	0.678
Proporciones	1.266
Extremidades posteriores	1.009
Órganos reproductivos	0.054

Elemento y características estándar de la raza	Promedio de Residuales por Elemento Estándar de Raza (en negrita) /Residuales Parciales por Característica
Cola	1.516
Peso	0.054
Párpados	1.863
Conformación	1.863
Ojos	2.820
Color	2.900
Posición	5.747
Separación	2.482
Forma	1.604
Expresión	2.149
Tamaño	2.038
Tamaño hembra	1.007
Altura a la cruz	0.785
Peso	1.640
Extremidades anteriores	1.074
Brazo	0.139
Carpo y Metacarpo	1.779
Codo	1.780
Dedos	1.892
Ángulo Humeroradial	0.063
Membrana interdigital	1.775
Ángulo Escapulohumeral	1.146
Apariencia General	0.765
Dimorfismo sexual	0.648
Temperamento/Comportamiento	0.774
Cabeza	1.981
Definición grupos musculares	2.890
Largura	0.213

Elemento y características estándar de la raza	Promedio de Residuales por Elemento Estándar de Raza (en negrita) /Residuales Parciales por Característica
Desarrollo muscular	2.367
Proporciones	0.659
Forma	3.009
Tamaño	3.899
Estructura	2.367
Simetría	0.054
Mandíbulas	2.483
Conformación masetérica	2.483
Labios	0.920
Color	1.781
Tamaño	0.059
Lomo	3.500
Ancho	3.500
Faltas Graves	1.303
Abdomen	0.155
Capa y Faneróptica	2.494
Extremidades anteriores	0.155
Cabeza	1.924
Boca	0.939
Extremidades posteriores	1.866
Tamaño/Proporciones	0.059
Cola	0.054
Dientes	0.054
Tórax	2.917
Tamaño macho	1.151
Altura a la Cruz	0.764
Peso	2.234
Faltas leves	0.107

Elemento y características estándar de la raza	Promedio de Residuales por Elemento Estándar de Raza (en negrita) /Residuales Parciales por Característica
Comportamiento	0.054
Cola	0.212
Dientes	0.054
Boca	0.715
Perfil	0.715
Movimientos	2.491
Tipo	2.491
Cuello	2.583
Papada	1.783
Inserción	0.260
Largura	2.308
Desarrollo muscular	3.492
Perfil	4.163
Espesor	3.492
Paladar	0.184
Color	0.184
Extremidades posteriores	1.144
Ángulo Coxofemoral	1.427
Ángulo Femorotibial	0.054
Ancho del corvejón	2.450
Longitud de la pierna	0.212
Desarrollo muscular	0.054
Longitud muslos	2.432
Ángulo Tibiotarsiano	1.427
Dedos	1.643
Reconocimiento/Clasificación	2.284
Reconocimiento/Clasificación	2.284
Hombros	2.076

Elemento y características estándar de la raza	Promedio de Residuales por Elemento Estándar de Raza (en negrita) /Residuales Parciales por Característica
Longitud	2.450
Forma	1.702
Piel	2.433
Presencia Pliegues	2.493
Espesor	2.373
Hocico	1.125
Color del hocico	1.780
Tamaño del hocico	0.797
Anchura del hocico	0.797
Cola	1.145
Nacimiento	0.222
Implantación	1.736
Largura	1.221
Sección	2.492
Trazo	0.056
Dientes	2.182
Tipo de mordida	2.182
Tórax	3.490
Forma	3.490
Uso	1.957
Funcionalidad	1.957

Resultados

Residuos de Procrustes

La Tabla 1 presenta los residuos medios derivados del análisis Procrustes por elemento estándar de raza y rasgo. Los elementos para los que se ha obtenido un valor residual más

elevado indican un menor consenso entre las razas, por lo que podrían considerarse elementos distintivos cuya consideración puede ser crucial para la diferenciación de las razas.

El análisis del estándar de la raza profundiza en el examen detallado de varios elementos y rasgos que, en conjunto, conforman las características únicas de una raza canina específica. Los residuos medios por elemento del estándar racial, resaltados, permiten comprender la importancia relativa de los rasgos individuales dentro del estándar racial.

Ventre (Promedio Residual: 0.193). Rasgos relacionados con el vientre, incluyendo la línea inferior y la proporcionalidad del cuerpo, tienen un impacto moderado en el estándar de la raza.

Altura a la cruz/Altura de la grupa (Promedio Residual: 0.231). Lograr el equilibrio adecuado entre la altura de la cruz y la altura de la grupa es crucial, con un impacto moderadamente influyente en el estándar de la raza.

Prominencia de la cruz (Promedio Residual: 1.197). La prominencia de la cruz resalta con un residuo más elevado, indicando su papel significativo en la definición de la apariencia de la raza.

Pecho (Promedio Residual: 3.383). El pecho, que abarca la profundidad, la longitud y el desarrollo muscular, tiene una importancia sustancial en el estándar de la raza.

Capa (Promedio Residual: 1.756). Varios aspectos de la capa, como el color, la longitud y la textura, contribuyen al estándar de la raza con un residuo medio.

Región Craneal (Promedio Residual: 2.748). Los rasgos relacionados con la región craneal, como la alineación de los ejes craneal y facial, las proporciones aproximadas y la forma de la frente, contribuyen en conjunto moderadamente al estándar de la raza.

Orejas (Promedio Residual: 3.323). Las orejas, incluida la presencia de pliegues, la implantación, la posición y la forma, exhiben un residuo más alto, lo que enfatiza su considerable influencia.

Defectos eliminatorios (Promedio residual: 1.338). Los rasgos que conducen a defectos eliminatorios, que abarcan varios aspectos, desde el comportamiento hasta partes específicas del cuerpo, sugieren un impacto moderado en el estándar de la raza.

Ojos (Promedio Residual: 2.820). Los ojos, con características como el color, la posición, la separación y la forma, muestran un residuo sustancial, lo que pone de manifiesto su considerable influencia.

Extremidades Anteriores (Promedio Residual: 1.074). Los rasgos relacionados con las extremidades anteriores, incluidos el brazo, el carpo y el metacarpo, el codo, los dedos y el ángulo escapulohumeral, contribuyen a un elemento moderadamente influyente.

Aspecto general (Promedio Residual: 0,765). La apariencia general, que abarca el dimorfismo sexual, el temperamento/comportamiento y la estructura general de la cabeza, tiene un residuo moderado, lo que sugiere su importancia.

Mandíbulas (Promedio Residual: 2.483). Las mandíbulas, incluida la conformación muscular, el color y el tamaño de los labios, contribuyen significativamente al estándar de la raza, con un residuo promedio más alto.

Lomo (Promedio Residual: 3.500). El lomo, con rasgos relacionados con el ancho, exhibe un residuo sustancial, lo que enfatiza su impacto en la estructura corporal general de la raza.

Faltas graves (Promedio Residual: 1.303). Los rasgos que conducen a faltas graves cubren varios aspectos, desde el comportamiento hasta partes específicas del cuerpo, sugieren un impacto moderado en el estándar de la raza.

Movimientos (Promedio Residual: 2.491). Los rasgos relacionados con los movimientos, incluido el tipo y las características generales del movimiento, muestran un impacto considerable en el estándar de la raza.

Cuello (Promedio Residual: 2.583). El cuello, con rasgos como la papada, la inserción, la longitud, el desarrollo muscular, el perfil y el grosor, contribuye colectivamente a un elemento moderadamente influyente.

Reconocimiento/Clasificación (Promedio Residual: 2.284) Los criterios de reconocimiento y clasificación, incluida la consideración de raza oficialmente reconocida y el tipo de oficialidad, exhiben un residuo moderado, lo que destaca su importancia.

Hombros (Promedio Residual: 2.076). Los hombros, con rasgos relacionados con la longitud y la forma, contribuyen a un elemento moderadamente influyente.

Piel (Promedio Residual: 2.433). Los rasgos de la piel, incluidos la presencia de pliegues y el grosor general, exhiben colectivamente un impacto moderado en el estándar de la raza.

Hocico (Promedio Residual: 1.125). Los rasgos relacionados con el hocico, incluido el color, el tamaño y el ancho del hocico, contribuyen moderadamente a la apariencia general de la raza.

Cola (Promedio Residual: 1.145). La cola, con rasgos relacionados con la implantación, la longitud, la sección y el trazo, exhibe colectivamente un impacto moderado en el estándar de la raza.

Dientes (Promedio Residual: 2.182). Los rasgos relacionados con los dientes, incluido el tipo de mordida, exhiben un impacto moderado en el estándar de la raza.

Tórax (Promedio Residual: 3.490). Los rasgos del tórax, incluidas la forma y la estructura general, influyen considerablemente en la estructura corporal de la raza.

Uso (Promedio Residual: 1.957). Los rasgos relacionados con el uso o la funcionalidad del perro exhiben un impacto moderado en el estándar de la raza.

En conclusión, este análisis exhaustivo proporciona una visión integral de una raza de perro específica, ofreciendo valiosas perspectivas sobre las características físicas y de

comportamiento de la raza. Los criadores, los aficionados y los jueces pueden utilizar esta información para comprender mejor y respetar las normas reconocidas, garantizando en última instancia la preservación y promoción de las cualidades distintivas de la raza en consonancia con las normas establecidas.

Correlaciones de rho de rango de Spearman

La Figura 1 muestra un mapa de calor que informa sobre las correlaciones entre todos los elementos en un estándar de raza y características. Como sugiere la escala, cuanto más intenso sea el color rojo, mayores serán las correlaciones positivas entre pares de elementos. Por el contrario, cuanto más intenso sea el color azul, mayores serán las correlaciones negativas entre elementos y características.

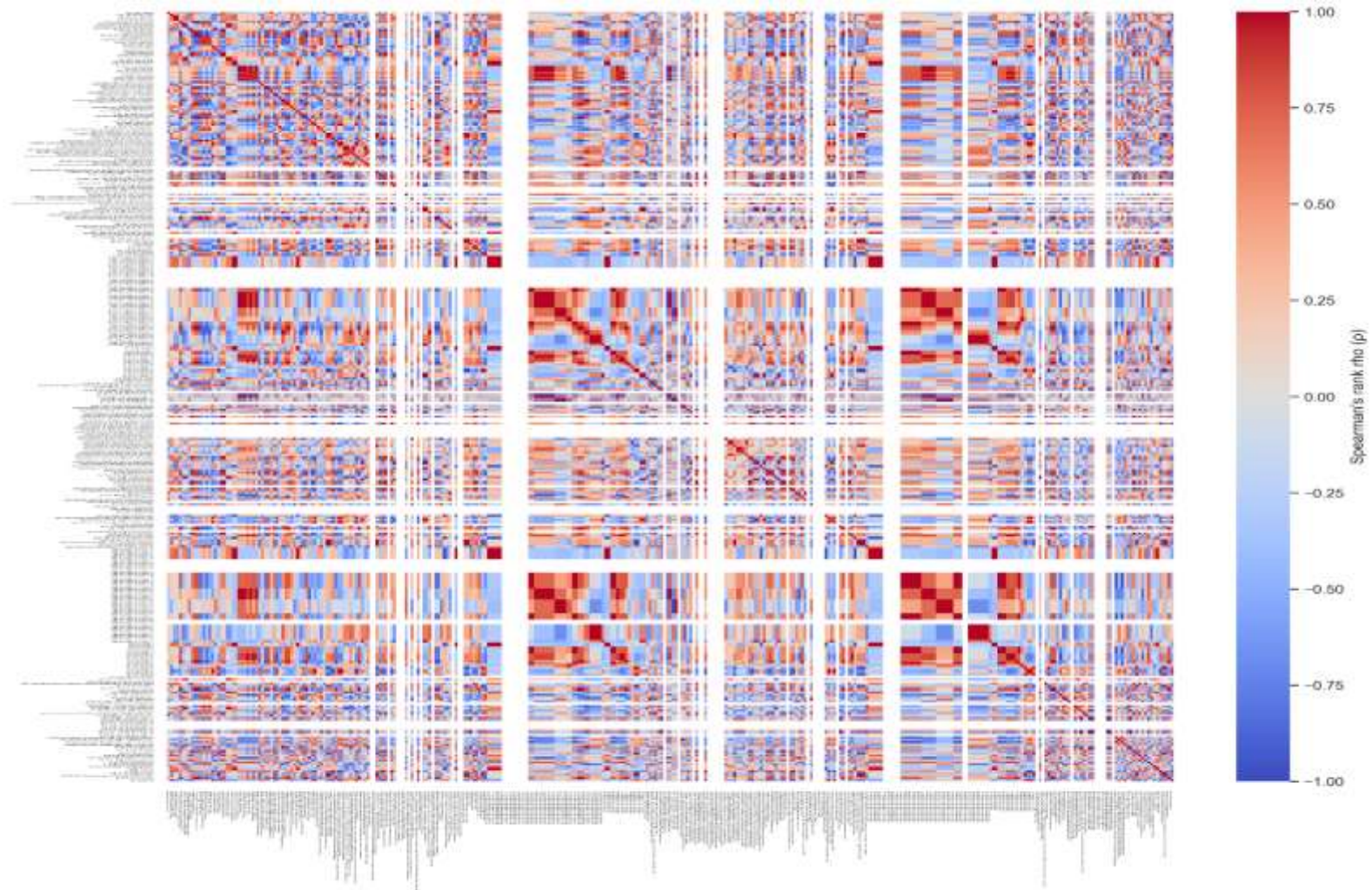


Figura 1. Mapa de calor que informa sobre las correlaciones entre todos los elementos en un estándar de raza y sus características

Discusión

En el contexto de las razas caninas de las Islas Baleares, la aplicación de medidas estadísticas como las correlaciones de Spearman y los residuos de Procrustes se vuelve especialmente pertinente para la formulación y el refinamiento de los estándares de la raza. Las Islas Baleares, conocidas por su rica diversidad cultural e histórica, albergan varias razas de perros autóctonas [4], cada una con características únicas que contribuyen a su identidad distintiva.

Correlaciones de Spearman

Identificación de los elementos obligatorios

En el caso de las razas caninas de las Islas Baleares, las correlaciones de Spearman [5] pueden ayudar a identificar elementos que tienden a coexistir y son cruciales para definir las características de la raza. Por ejemplo, una correlación positiva [6] entre el "color de la capa" [7] y el "tipo de cola" [8] podría indicar que los patrones de color específicos están asociados con configuraciones particulares de la cola en una raza, lo que enfatiza la importancia de considerar estos elementos juntos en el estándar de la raza.

Por el contrario, una correlación negativa [9] entre ciertos rasgos podría sugerir que son mutuamente excluyentes o tienen una relación antagónica. Abordar estas relaciones es esencial para elaborar un estándar de raza que refleje con precisión las características únicas de los perros de las Islas Baleares.

Residuos de Procrustes

Identificación de los elementos obligatorios

Los bajos residuos de Procrustes entre elementos revelan un alto grado de acuerdo en sus configuraciones [10]. En el contexto de las razas de las Islas Baleares, esto podría significar que ciertas características, como "Forma de las Orejas" [11] y "Proporciones del Cuerpo" [12],

muestran relaciones consistentes que contribuyen significativamente al estándar general de la raza. Desviaciones de estas configuraciones esperadas podrían afectar la apariencia distintiva de la raza.

Sin embargo, los residuos altos de Procrustes [13] resaltan los elementos que no se ajustan bien a la configuración general de la raza. Por ejemplo, si hay discrepancias entre las formas observadas y predichas de la "Sección de la cola" [14] y la "Estructura del cuerpo"[15], se vuelve imperativo abordar estos aspectos para garantizar una representación más precisa del carácter distintivo de la raza.

Combinaciones que indican falta de características distintivas

Residuos Bajos de Procrustes entre razas

Si ciertos elementos exhiben consistentemente bajos residuos de Procrustes [16] en varias razas de perros de las Islas Baleares, puede sugerir que estas características no son exclusivas de una raza en particular. Por ejemplo, si la "textura de la capa"[17] muestra bajos residuos en varias razas, implica que esta característica podría ser un rasgo común compartido entre ellas.

Correlaciones bajas de Rho de Rango de Spearman

Las bajas correlaciones [18] entre las características únicas de las razas podrían indicar que estos elementos no son cruciales para distinguir una raza de las Islas Baleares de otra. Los estándares de la raza deben priorizar los elementos con fuertes correlaciones que contribuyan a la singularidad de cada raza dentro de las Islas Baleares.

En resumen, la aplicación de medidas estadísticas en el contexto de las razas de perros de las Islas Baleares ofrece un enfoque sistemático para dar forma y refinar los estándares de raza. Al identificar interdependencias, evaluar configuraciones y señalar características distintivas, estas herramientas estadísticas permiten a los criadores y organizaciones elaborar

estándares precisos y culturalmente relevantes que capturan la esencia de cada raza única de perro de las Islas Baleares. Esto garantiza que los estándares de raza no solo reflejen el contexto histórico y cultural de las islas, sino que también contribuyan a la preservación y reconocimiento de estas razas autóctonas.

Conclusiones

En conclusión, este análisis detallado de los elementos y características del estándar de la raza, junto con sus respectivos residuales, proporciona una valiosa información sobre la importancia relativa de varios rasgos a la hora de definir el estándar general de una raza canina específica. Los criadores, aficionados y jueces pueden utilizar esta información para dar prioridad a las características clave y garantizar la preservación de las cualidades únicas de la raza.

Financiación

La presente investigación se llevó a cabo durante el periodo de cobertura de un Contrato Post-doctoral Ramón y Cajal con la referencia MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea "NextGenerationEU"/PRTR.

Reconocimientos

Los autores expresan su sincero agradecimiento a la Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí y Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya por su inestimable apoyo y colaboración en la publicación de ideas y datos esenciales que finalmente se utilizaron para este estudio. El compromiso y dedicación de estas organizaciones a la preservación y promoción de las razas caninas en las Islas Baleares han enriquecido significativamente la investigación, permitiendo su comprensión integral y permitiendo la evaluación de la dinámica genética y los patrones evolutivos de las razas y agrupación racial presentes en el archipiélago. Su experiencia y

contribuciones han sido fundamentales para avanzar en nuestro conocimiento de las poblaciones de razas, lo que refleja su profundo compromiso con la conservación y el bienestar de estas razas caninas puras.

Referencias

1. Roy-García, I.; Rivas-Ruiz, R.; Pérez-Rodríguez, M.; Palacios-Cruz, L. Correlación: no toda correlación implica causalidad. *Revista Alergia México* **2019**, *66*, 354-360.
2. Simonetti, L.; Lynch, G.; Pucheta, M.; Ghibaudi, M. Relaciones entre Variables del Comportamiento Sexual en Ovejas Frisona Servidas a Corral. *II 7ª jornada de pequeños rumiantes y camélidos sudamericanos*, 54.
3. Dijksterhuis, G.B.; Gower, J.C. The interpretation of generalized procrustes analysis and allied methods. *Food quality and preference* **1991**, *3*, 67-87.
4. Anguera Sansó, B. *Races Autòctones de les Illes Balears*; Conselleria d'Agricultura i Pesca. Govern de les Illes Balears: Mallorca, Spain, 2003.
5. Spearman, C. The proof and measurement of association between two things. *International journal of epidemiology* **2010**, *39*, 1137-1150.
6. Martínez Ortega, R.M.; Tuya Pendás, L.C.; Martínez Ortega, M.; Pérez Abreu, A.; Cánovas, A.M. El coeficiente de correlación de los rangos de Spearman caracterización. *Revista Habanera de Ciencias Médicas* **2009**, *8*, 0-0.
7. Álvarez, J.; Jiménez, L.; Martínez, R.; Rodríguez, Y.; Mendoza, L.; Leal, J.; Atehortua, M.; Camargo, J.; Sánchez, C. Comparación De Características Fanerópticas Entre Cuatro Razas De Sabuesos Y El Sabueso Fino Colombiano. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal AICA* **2015**, *6*, 372-380.
8. Olivares, E.M. Razas de perros: sus características y aptitudes. *TécnoVet* **1995**, *1*.
9. Ortega, R.M.M.; Pendás, L.C.T.; Ortega, M.M.; Abreu, A.P.; Cánovas, A.M. El coeficiente de correlacion de los rangos de spearman caracterizacion. *Revista Habanera de Ciencias Médicas* **2009**, *8*.
10. Bermúdez, J.R. Un nuevo estimador muestral de regresión vía residuos ortogonales derivados del análisis de componentes principales. *Comunicaciones en Estadística* **2009**, *2*, 103-114.
11. Silveira, C.; Capote, C.B.; Fernández, G. El perro Cimarrón, la raza canina autóctona del Uruguay. *Archivos de zootecnia* **1998**, *47*, 533-536.
12. Rudd Garcés, G. Análisis genético de enfermedades osteoarticulares en animales de compañía. Universidad Nacional de La Plata, 2022.
13. Rico Bermúdez, J. Un nuevo estimador muestral de regresión vía residuos ortogonales derivados del análisis de componentes principales. **2009**.
14. G Costa, J.E., A Gorozurreta. Estudios genéticos en la raza canina cimarrón uruguayo. **2007**.
15. Castro, R.; Barba, C.; García, M.; González, M.; Camacho, M. Contribución a la caracterización etno-genética de una agrupación racial canina andaluza. *Archivos de zootecnia* **2000**, *49*, 253-257.

16. Gower, J.C. Generalized procrustes analysis. *Psychometrika* **1975**, *40*, 33-51.
17. Pedreros Castellanos, F.M.; Soler Morantes, P.C. Propuesta para la incorporación de pelaje de perro de raza samoyedo como insumo textil para la unidad productiva la espiga en Cucaita Boyacá. **2022**.
18. Schober, P.; Boer, C.; Schwarte, L.A. Correlation coefficients: appropriate use and interpretation. *Anesthesia & analgesia* **2018**, *126*, 1763-1768.

**CAPÍTULO 4. ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA
Y ESTRUCTURA DE LA POBLACIÓN ASISTIDO POR
MARCADORES MOLECULARES EN RAZAS DE PERROS
DE LAS ISLAS BALEARES**

4.1 Evaluación discriminante integrada de marcadores genéticos moleculares y parámetros de diversidad genética de razas de perros de baleares en peligro de extinción

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza ², María del Amparo Martínez Martínez³, Juan Vicente Delgado Bermejo ³ y Francisco Javier Navas González ^{3*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural Govern Illes Balears, 07009 Palma, España.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, España.

³ Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.

Información sobre el indicador de calidad de la publicación

*Información más reciente disponible (2022)

Estado del manuscrito: Enviado

Revista (año, volumen, páginas): Molecular Sciences

Base de datos internacional en la que está indexada: Journal of Citation Reports (JCR)

Área temática en la base de datos de referencia: Bioquímica y biología molecular

Índice de impacto de la revista en el año de publicación del artículo: 5.6

Clasificación/número de revistas en el área temática: 66/285 (Q1)

Resumen

El objetivo de este trabajo es analizar la diversidad genética dentro de las razas caninas de baleares, con un enfoque específico en los marcadores de microsatélites clave y sus intrincadas relaciones. Se evalúan las intrincadas relaciones entre los marcadores de microsatélites clave de las razas caninas autóctonas y los parámetros de diversidad genética. Surgen conflictos, particularmente entre parámetros como el contenido de información polimórfica (PIC) y la heterocigosidad esperada (H_e), ambos cruciales para transmitir información polimórfica. El PIC, esencial para los cálculos de paternidad, eclipsa a H_e en escenarios que involucran alelos parentales compartidos, ofreciendo información matizada sobre la diversidad genética. La convergencia de marcadores, como la heterocigosidad observada (H_o) y la H_e , subraya su información compartida, proporcionando información sobre la dinámica de la población. El número efectivo de alelos (A_e) y H_e emergen como indicadores interconectados de la diversidad genética, arrojando luz sobre la adaptabilidad y persistencia de una población. La intrincada relación entre el Coeficiente de Consanguinidad (FIS) y las desviaciones del Equilibrio de Hardy-Weinberg (HWEd) aclara el impacto de la endogamia en la heterocigosidad observada y esperada, con implicaciones para los programas genéticos basados en marcadores. Estos hallazgos tienen amplias implicaciones para las estrategias de conservación basadas en marcadores, proporcionando información valiosa sobre el potencial evolutivo y la adaptabilidad de las poblaciones. El análisis exhaustivo de marcadores facilita la toma de decisiones de manera informada en los programas y evaluaciones genéticas, allanando el camino para mejorar las estrategias de cría y las iniciativas de conservación en las razas de perros.

Palabras claves

Diversidad genética; marcadores microsatélites; Contenido de Información Polimórfica (PIC); heterocigosidad; estrategias de conservación

Introducción

En el ámbito de *Canis lupus familiaris*, las Islas Baleares destacan como un refugio de extraordinaria diversidad genética. Situadas en el corazón del Mediterráneo, estas islas han nutrido una variedad de razas autóctonas de perros intrincadamente entrelazadas en el tejido de las comunidades locales. Más allá de la simple compañía, estos perros están profundamente arraigados en el tapiz cultural e histórico de la región, simbolizando el vínculo perdurable entre los humanos y sus leales amigos de cuatro patas. Actualmente, las Islas Baleares reconocen oficialmente cinco razas de perros, el Ca de Bestiar (CB), Ca de Bou (CBOU), Podenco Ibicenco (PI), Ca Rater mallorquín (CR) y Ca Mè (CM). Además, se reconoce una agrupación racial canina conocida como el Ca de Conills de Menorca (CC). Esta rica variedad de razas caninas constituye una parte significativa del patrimonio genético de las Islas Baleares, representando el 20% del patrimonio canino total de España según Navas [1]. Organizaciones internacionales, incluida la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO), enfatizan la importancia de comprender la diversidad genética dentro y entre las razas, como ilustra Martínez, et al. [2] en su estudio utilizando microsatélites en dos razas autóctonas de Mallorca.

En el contexto de un flujo incesante y de innovación, la dotación genética de estas razas autóctonas se enfrenta a una coyuntura crítica. Mientras que la modernidad aporta beneficios múltiples, también plantea un desafío sin precedentes para la fidelidad genética de estos reservorios autóctonos. En este artículo, emprendemos una expedición hacia la caracterización genética molecular de las razas de perros de baleares. Se han realizado numerosos estudios sobre diversidad genética a nivel nacional e internacional utilizando microsatélites [3]. Actualmente, las razas de perros y agrupación racial oficialmente reconocidas han sido objeto de estudios de caracterización genética y análisis de relaciones genéticas con otras razas de perros españolas, empleando marcadores moleculares, específicamente microsatélites de ADN. Los microsatélites de ADN utilizados cumplen con las recomendaciones de la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG) para el análisis de la diversidad genética y las pruebas de paternidad canina. Esto incluye un panel principal con 21 marcadores y un panel adicional de 12 marcadores, según lo indicado por Aguilera,

et al. [4]. Estos 33 microsatélites cumplen con los requisitos establecidos por la FAO para tales paneles.

Nuestro viaje trasciende la mera revelación de misterios genéticos; se extiende a un discurso expansivo sobre la importancia indispensable de las pruebas de paternidad. Este discurso encapsula el papel fundamental que desempeñan las pruebas de paternidad en la conservación de la integridad genética y la vitalidad de estos cánidos autóctonos. Mientras navegamos por el intrincado laberinto de la genética canina de baleares, nuestro viaje no es simplemente testigo de los vestigios del pasado; ilumina un camino hacia el futuro. Las pruebas de paternidad con microsatélites ya son una realidad en las razas de perros de baleares como resultado de los estudios de caracterización genética realizados. En casos donde la genealogía no puede ser verificada debido a diversas circunstancias, como sugieren Martínez, et al. [2], se puede asignar el animal a la raza en cuestión. Si el perfil genético del animal se alinea con el perfil de la raza, se puede considerar un animal de raza pura y puede ser registrado en el Libro Genealógico sin causar deterioro genético de la raza. Esto se basa en el enfoque descrito por Davies, et al. [5], donde los marcadores genéticos de ADN brindan la oportunidad de utilizar genotipos individuales para determinar la población de origen de los individuos. Por lo tanto, la asignación a la raza es un método para considerar en programas de conservación para razas altamente amenazadas al registrar animales con genealogía que no puede ser verificada.

El archipiélago balear sirve como evidencia empírica de la dinámica evolutiva de los compañeros caninos, selectivamente refinados para un espectro de funcionalidad especializada, que incluyen la caza experta, la vigilancia atenta y el pastoreo competente y meticuloso. Sin embargo, su utilidad se extiende más allá de los rasgos funcionales innatos para abarcar la resistencia a adversidades regionales, incluyendo el crisol abrasador del estrés por calor y el insidioso espectro de enfermedades endémicas como la leishmaniosis. Estos atributos funcionales, tendencias comportamentales y mecanismos de resistencia están indeleblemente grabados en el núcleo de estas razas. Esto es evidente en el caso del PI, en relación con su resistencia a la leishmaniosis, según lo descrito por Solano-Gallego, et al. [6], donde el PI responde consistentemente de manera positiva a una prueba de hipersensibilidad

de tipo retardado (DTH). En consecuencia, consideramos que el PI es más resistente a la leishmaniosis que otras razas de perros.

En la era contemporánea, las herramientas genéticas modernas, incluidos los microsatélites y los polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), proporcionan una profunda visión del código genético que subyace a los atributos innatos de estos notables cánidos. Estos marcadores moleculares desvelan los misterios que subyacen a sus habilidades funcionales excepcionales, predisposiciones comportamentales intrínsecas e incluso su resistencia a las demandas ambientales y a la salud. Estos marcadores son secuencias de ADN con al menos dos variantes alélicas detectables, y pueden identificar los alelos contribuidos por el padre y la madre. También pueden ser útiles en la selección para los criadores en casos donde se han establecido relaciones directas entre características de funcionalidad o comportamiento y variantes alélicas específicas.

En la siguiente exposición, nos embarcamos en una misión que busca cerrar la brecha entre el pasado y el futuro, la tradición y la innovación. Enfatizamos la necesidad urgente no solo de entender, sino de salvaguardar y valorar el patrimonio genético de las razas de perros de baleares en un mundo de cambio constante. Como compañeros de viaje en esta travesía extraordinaria, ensalzamos los rasgos funcionales excepcionales que estos cánidos ejemplifican. Al mismo tiempo, subrayamos el papel crucial de las pruebas de paternidad en la noble tarea de salvaguardar las preciadas razas autóctonas de las Islas Baleares. Les invitamos a unirse a nosotros en este viaje extraordinario hacia el intrincado dominio de la genética canina, donde el homenaje a su herencia armoniza con la orientación hacia su futuro.

El objetivo de este estudio fue sumergirse en el panorama genético de las razas de perros de baleares, centrándose específicamente en las cinco razas oficialmente reconocidas (CB, CBOU, PI, CR y CM) y la agrupación racial reconocida (CC de Menorca). El objetivo principal fue realizar una caracterización genética completa utilizando marcadores de microsatélites, recomendados por la Sociedad Internacional de Genética Animal, para evaluar la diversidad dentro de cada raza y explorar sus relaciones genéticas con el resto de las razas de perros de baleares. Además, el estudio buscó investigar la aplicabilidad de las pruebas de paternidad basadas en microsatélites como herramienta para el registro de razas en casos

donde la verificación de la genealogía enfrentaba desafíos. Al desentrañar las complejidades genéticas de estas razas autóctonas, el estudio buscó aportar ideas valiosas para la conservación y gestión de su patrimonio genético único frente a desafíos contemporáneos y paisajes cambiantes.

Materiales y Métodos

Muestreo

El muestreo fue realizado por diversas asociaciones o clubes oficialmente reconocidos para las razas CB, CBOU, PI, CR, CM y CC. Se recogieron muestras de pelo de individuos que cumplieran con el estándar de la raza o las características poblacionales (en el caso de CC), identificadas con el microchip del animal. Toda la información adicional, incluyendo sexo, fecha de nacimiento, genealogías y detalles del propietario, fue reportada al laboratorio del Banco de Germoplasma de ADN para razas de perros de baleares (Laboratorio de Genética Molecular Aplicada (Grupo de Investigación PAIDI-AGR-218, Universidad de Córdoba). El muestreo para cada raza se llevó a cabo a lo largo de los años para asegurar un tamaño de muestra significativo y representativo. El número de muestras enviadas por raza fue de 241 para CB, 72 para CBOU, 94 para PI, 116 para CR, 94 para CM y 47 para CC, cubriendo todos los estudios y análisis realizados (caracterización genética, pruebas de paternidad y asignaciones).

Análisis de laboratorio

Un total de 275 muestras del Laboratorio de Genética Molecular Aplicada (Grupo de Investigación PAIDI-AGR-218, Universidad de Córdoba) se utilizaron para los estudios interracial, abarcando las seis razas. El ADN se extrajo utilizando el método descrito por Walsh, et al. [7], utilizando pelos con bulbos pilosos visibles.

Se emplearon los microsatélites recomendados por la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG) para estudios de diversidad y parentesco en perros. Dependiendo

de la raza, se utilizaron 21 o 33 microsatélites. Algunos de los microsatélites comúnmente utilizados incluyeron AHT121, AHT137, AHTh130, AHTh171, AHTh260, AHTk211, AHTk253, CXX279, FH2848, FH2054, INRA021, INU005, INU030, INU055, REN105L03, REN162C04, REN169D01, REN169O18, REN247M23, REN54P11, REN64E19, y para CR, se utilizaron 33 microsatélites. Los microsatélites adicionales para CR fueron 2642RD, 1404RD, 1878RD, 0914RD, 2469RD, 0176RD, 0959RD, 0323RD, 0669RD, 0123RD, 1055RD y 1257RD.

Los microsatélites fueron amplificados mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR), y los fragmentos amplificados se separaron mediante electroforesis capilar utilizando un secuenciador automático de capilares ABI3130XL. El análisis de fragmentos y la tipificación alélica se realizaron utilizando los programas GENESCAN ANALYSIS v 3.1.2 y GENOTYPER v 2.5.2, respectivamente. La estandarización del tamaño se realizó utilizando el Genescan 500 HD LIZ Orange Size estándar.

Diversidad genética intraracial

Se calculó el número medio de alelos por locus (MNA), la heterocigosidad esperada (He) y observada (Ho) utilizando el software MICROSATELLITE TOOLKIT para Excel [8]. El coeficiente de variación genética intraracial (FIS), con un intervalo de confianza (IC) del 95%, se calculó utilizando GENETIX [9]. El análisis de subestructura de las razas de perros estudiadas se realizó utilizando el programa STRUCTURE [10], dividiendo a los individuos en clúster (K) basados en patrones de variación similares.

Para las razas CR y CM, se calculó el número efectivo de alelos utilizando PopGene [11], y el contenido de información polimórfica (PIC) se calculó utilizando el programa CERVUS.

Se llevó a cabo una prueba del equilibrio de Hardy-Weinberg (HW) utilizando GENEPOP [12], aplicando la prueba exacta de Fisher con el método de la cadena de Markov Monte Carlo [13] y la corrección de Bonferroni para las razas CB, CR, CM y CC.

Diversidad genética interracial

Se incluyeron todas las razas de baleares para obtener una visión integral de la situación genética de cada raza en relación con las demás. Se calcularon las estadísticas F de Wright [14], incluyendo FIT (coeficiente de consanguinidad individual en relación con la población total), FST (efecto de las subpoblaciones en comparación con la población total) y FIS (coeficiente de consanguinidad individual en relación con su subpoblación) con un IC del 95%. Estas estadísticas se calcularon utilizando el programa GENETIX [9]. Se realizó un Análisis de Factores de Correspondencia con el mismo programa. Las distancias genéticas de Reynolds [15] se calcularon utilizando el software POPULATIONS [16]. Se construyó un árbol basado en distancias para representar las relaciones genéticas gráficamente. Se empleó el programa STRUCTURE [10], con un algoritmo bayesiano, para estudiar la estructura genética de las poblaciones, creando tantos clúster como poblaciones existentes más uno para identificar estructuras internas, si las hubiera. Para el estudio de las razas de baleares, esto se hizo desde $K = 2$ hasta $K = 7$, con 10 repeticiones para cada K . Finalmente, se calculó el K óptimo según el método de Evanno, et al. [17] utilizando el programa STRUCTURE HARVESTER [18] basado en los resultados obtenidos del programa STRUCTURE. El programa CLUMPAK [19] se utilizó para visualizar los resultados de la estructura genética.

Análisis estadísticos

Análisis discriminante canónico (CDA)

Metodología CDA

Se empleó el Análisis Discriminante Canónico (CDA) como una poderosa herramienta estadística para estudiar las relaciones entre parámetros de diversidad genética y los marcadores moleculares de microsatélites utilizados en cada raza. Esto implicó un análisis exhaustivo para crear una herramienta de clasificación robusta capaz de discernir patrones intrincados dentro y entre razas basándose en la información disponible sobre

ellas. El análisis utilizó el paquete Classify del software SPSS versión 26.0 y la rutina de análisis discriminante canónico del paquete Analyzing Data del software XLSTAT (Addinsoft Pearson Edition 2014, Addinsoft, París, Francia).

Representación Gráfica de Relaciones Canónicas

El primer paso implicó la visualización de relaciones canónicas para proporcionar una representación espacial de las diferencias entre grupos. Utilizando algoritmos de regresión logística multinomial regularizada por pasos hacia delante, se llevó a cabo la selección de variables, teniendo en cuenta las probabilidades previas basadas en el tamaño de los grupos. Este enfoque meticuloso tuvo como objetivo optimizar la eficiencia de los análisis discriminantes subsiguientes.

Consideración del tamaño de la muestra

Un aspecto crítico del estudio fue la observancia de prácticas sólidas en referencia al tamaño de la muestra. Mantener una proporción de 4-5 veces más observaciones que variables independientes aseguró el poder estadístico, un elemento crucial para obtener resultados significativos y confiables. Este enfoque siguió las recomendaciones de prácticas de investigación establecidas, enfatizando la importancia del tamaño de la muestra para mantener la rigurosidad analítica.

Análisis de multicolinealidad

Para garantizar la integridad de los análisis, se llevó a cabo un examen exhaustivo de la multicolinealidad. El factor de inflación de la varianza (VIF) y la tolerancia se utilizaron para evaluar las relaciones lineales entre los predictores. Se estableció un umbral de VIF de 5 para identificar y mitigar posibles problemas de multicolinealidad.

Dimensión de correlación canónica

La exploración de correlaciones canónicas proporcionó perspicacia sobre las relaciones entre conjuntos de variables. Se hizo hincapié especialmente en los valores de correlación canónica que superaban 0.30, lo que indica una proporción sustancial de la varianza explicada en el conjunto de datos.

Eficiencia del análisis discriminante

La eficiencia en el análisis discriminante se evaluó mediante la prueba de lambda de Wilks, que analiza la importancia de las variables en la función discriminante. La prueba de χ^2 examinó la significancia de Lambda de Wilks, proporcionando información crucial sobre la adecuada adscripción a grupos bien explicada.

Fiabilidad del modelo discriminante

La fiabilidad del modelo de análisis discriminante se evaluó a través del criterio de traza de Pillai, específicamente adecuado para casos de tamaños de muestra desiguales. La significancia a un nivel de 0.05 o inferior indicó la importancia estadística del conjunto de predictores para explicar las variaciones en los parámetros de diversidad genética molecular y en los marcadores moleculares de microsatélites a través de razas distintas.

Interpretación de las Cargas Canónicas

El análisis canónico desempeñó un papel fundamental en la interpretación de las variables discriminantes. Se identificaron variables con una carga discriminante sustancial ($\geq|0.40|$), lo que contribuyó significativamente a la clasificación. La técnica de procedimiento escalonado garantizó la exclusión de variables no significativas.

Fiabilidad de la función discriminante: validación y validación cruzada

La fase de validación cruzada implicó un análisis de dejar uno fuera, determinando la probabilidad de clasificación correcta de las razas. La evaluación utilizó la estadística Q de Press, comparando la tasa de clasificación con un valor crítico de χ^2 . Esta evaluación rigurosa proporcionó perspectivas sobre la aplicabilidad y confiabilidad de las funciones discriminantes.

Minería de datos CHAID

Árbol de decisión

Se realizó un análisis de árbol de decisión CHAID utilizando el paquete CHAID tanto en el software SPSS versión 26.0 como en el software XLSTAT (Addinsoft Pearson Edition 2014, Addinsoft, París, Francia).

Metodología del árbol de decisión

La fase de minería de datos utilizó la metodología de árbol de decisión CHAID (Chi-squared automatic interaction detection) para examinar si los valores de los parámetros de diversidad genética y los marcadores moleculares de microsatélites siguen ciertos patrones en las diferentes razas del Archipiélago Balear. CHAID, una técnica centrada en la clasificación, predicción e interpretación de datos, empleando un nodo raíz, ramas y nodos hoja. Se crearon nodos internos alrededor de variables relacionadas con los parámetros de diversidad genética y los marcadores moleculares de microsatélites, guiados por un criterio de división de significación de la prueba de Chi-cuadrado ($P < 0.05$). Se implementaron procesos de poda, tanto previos como posteriores, para evitar la complejidad y asegurar la inclusión de ramas que contribuyeran significativamente al ajuste general. El árbol de decisiones, análogo a la regresión escalonada hacia adelante, tuvo como objetivo capturar relaciones significativas entre variables independientes. Cada rama

representaba resultados de la prueba, mientras que los nodos hoja indicaban niveles de categoría de la variable objetivo (en este caso, la raza).

Fiabilidad del árbol de decisión: validación y validación cruzada

La validación cruzada del árbol de decisiones fue esencial para validar su capacidad de generalización de los parámetros de diversidad genética y marcadores microsatélites. Para lograr esto, el parámetro de complejidad y la tasa de error validada cruzada fueron fundamentales para seleccionar un árbol que equilibre precisión y simplicidad. Se empleó un enfoque de validación cruzada de dejar uno fuera para mitigar los riesgos de sobreajuste y mejorar la precisión predictiva del modelo para razas diversas.

En esencia, este enfoque integrado de análisis discriminante canónico y metodologías posteriores de minería de datos tuvo como objetivo proporcionar una comprensión matizada de las complejas relaciones dentro del conjunto de datos. Al combinar técnicas estadísticas tradicionales con métodos avanzados de minería de datos, el estudio buscó crear una herramienta sólida y confiable para clasificar razas en función de los valores reportados para sus parámetros de diversidad genética molecular y marcadores de microsatélites.

Resultados

Diversidad genética intraracial

Ca de Bestiar (CB)

Los 21 microsatélites utilizados fueron polimórficos, con un mínimo de 4 alelos en los microsatélites INRA21 y REN247M23, y un máximo de 11 alelos para el marcador ATH137, obteniendo un valor promedio de 7.05 alelos. La H_e más alta se encuentra para el marcador AHTh130 con un valor de 0.855, y la más baja para FH2848 con un valor de 0.559. Los valores de H_o varían desde un máximo de 0.915 para el marcador REN64E19

hasta un mínimo de 0.563 para REN162C04. Los valores promedio de He y Ho son 0.728 y 0.743, respectivamente. En cuanto al PIC, todos los marcadores son altamente informativos excepto REN247M23, que tiene un valor de PIC de 0.481, indicando información moderada. Cinco marcadores se desvían significativamente del equilibrio de HW. El FIS muestra que 5 marcadores (ATH137, ATHh260, AHTK211, REN169D01 y REN169O18) detectan un déficit significativo de homocigotos en la población, y uno (REN169O18) detecta un exceso significativo de homocigotos. El valor promedio de FIS para la población es 0.021, no significativamente diferente de 0, indicando que no hay desviación significativa de HW. El CB muestra una alta diversidad genética intraracial, similar a otras razas autóctonas de perros españoles [20]

Ca de Bou (CBOU)

Los 21 microsatélites utilizados fueron polimórficos, con un promedio de 5.05 alelos. La He más alta se encuentra para el marcador CXX279 con un valor de 0.797, y la más baja para REN162C04 con un valor de 0.091. Los valores de Ho varían desde un máximo de 0.810 para el marcador FH2054 hasta un mínimo de 0.0094 para REN162C04. Los valores promedio de He y Ho son 0.624 y 0.582, respectivamente. En cuanto a los valores de PIC, todos los marcadores son altamente informativos, excepto los alelos AHTH253, INU030, REN247M23 y REN54P11, que son moderadamente informativos, y REN162C04, que no es informativo para detectar variabilidad genética (PIC por debajo de 0.25). El FIS varía de 0.00128 a 0.03797, con un FIS promedio de la población de 0.081. El CBOU exhibe baja diversidad genética intraracial.

Podenco Ibicenco

Los 21 microsatélites utilizados fueron polimórficos, con un promedio de 5.75 alelos. La He más alta se encuentra para el marcador AHTh260 con un valor de 0.829, y la más baja para FH2848 con un valor de 0.348. Los valores de Ho varían desde un máximo de 0.864 para el marcador AHTh260 hasta un mínimo de 0.177 para FH2848. Los valores promedio

de H_e y H_o son 0.690 y 0.678, respectivamente. En cuanto a los valores de PIC, todos los marcadores son altamente informativos, excepto los alelos FH2848 y REN54P11, que son moderadamente informativos. El FIS para la población es 0.200. El PI presenta una diversidad genética intraracial moderada.

Ca Rater (CR)

Los 33 marcadores utilizados fueron polimórficos, con un mínimo de 2 alelos en los marcadores 0959RD y 1055RD, y un máximo de 15 alelos en el marcador REN169O18, obteniendo un promedio de 6.61 alelos y un número efectivo medio de alelos de 3.58. La H_e más alta se encuentra para el marcador 0669RD con un valor de 0.866, y la más baja para 1055RD con un valor de 0.255. Los valores de H_o varían desde un máximo de 0.964 para el marcador 0669RD hasta un mínimo de 0.161 para 0959RD. Los valores promedio de H_e y H_o son 0.685 y 0.656, respectivamente. En cuanto a los valores de PIC, todos los marcadores son altamente informativos, excepto INU055 con un valor de 0.4611, que es moderadamente informativo. Cuatro marcadores se desvían significativamente del HW. El FIS muestra que el marcador 0669RD detecta un déficit significativo de homocigotos en la población, y tres (REN169D0, 0959RD y 0914RD) detectan un exceso significativo de homocigotos. El valor promedio de FIS para la población es 0.044, no significativamente diferente de 0, indicando que no hay desviación significativa de HW. El CR presenta una diversidad genética intraracial moderada.

Ca Mè (CM)

Los 21 microsatélites utilizados fueron polimórficos, con un mínimo de 4 alelos en los microsatélites INU005, INU030 y REN169O18 y un máximo de 11 alelos para el marcador ATH171, obteniendo un promedio de 6.5 alelos y un número efectivo medio de alelos de 3.54. La H_e más alta se encuentra para el marcador AHT171 con un valor de 0.859, y la más baja para INU030 con un valor de 0.428. Los valores de H_o varían desde un máximo de 0.824 para el marcador AHT260 hasta un mínimo de 0.372 para INU005. Los

valores promedio de H_e y H_o son 0.697 y 0.671, respectivamente. En cuanto a los valores de PIC, todos los marcadores son altamente informativos, excepto los marcadores INU005 e INU030 con valores de 0.491 y 0.372, respectivamente, que son moderadamente informativos. Después de la corrección de Bonferroni, ningún marcador está fuera del equilibrio de HW. El FIS muestra que el marcador ATHh260 detecta un déficit significativo de homocigotos en la población, y INU005 detecta un exceso significativo de homocigotos. El valor promedio de FIS para la población es 0.038, no significativamente diferente de 0, indicando que no hay desviación significativa del equilibrio de HW. El CM presenta una diversidad genética intraracial moderada.

Ca de Conills (CC)

Los 21 microsatélites utilizados fueron polimórficos, con un mínimo de 4 alelos en los microsatélites INRA21 e INU005 y un máximo de 10 alelos para el marcador ATH121, obteniendo un promedio de 6.60 alelos. La H_e más alta se encuentra para el marcador ATHh121 con un valor de 0.857, y la más baja para REN247M23 con un valor de 0.477. Los valores de H_o varían desde un máximo de 0.806 para los marcadores REN169D01 y REN169O18 hasta un mínimo de 0.415 para REN247M23. Los valores promedio de H_e y H_o son 0.724 y 0.689, respectivamente. En cuanto a los valores de PIC, todos los marcadores son altamente informativos, excepto REN247M23 con un valor de 0.448, que es moderadamente informativo. Diez marcadores se desvían significativamente del equilibrio de HW. El FIS muestra que 4 marcadores (ATHh130, ATHh171, ATHk211 y ATH121) detectan un exceso significativo de homocigotos. El valor promedio de FIS para la población es 0.048, no significativamente diferente de 0, indicando que no hay desviación significativa del equilibrio de HW. El CC presenta una diversidad genética intraracial moderada.

Diversidad genética interracial

Los valores de las estadísticas F de Wright entre las 6 razas de perros estudiadas son $FIS = 0.021$ (0.019-0.050), $FIT = 0.149$ (0.157-0.191) y $FST = 0.131$ (0.130-0.160). El valor de FST indica que aproximadamente el 13% de la variación genética total se debe a diferencias entre razas de perros, y el 87% restante corresponde a diferencias entre individuos. El uso del Análisis de Factor de Correspondencia para investigar la diferenciación genética entre individuos de cada población balear muestra una clara separación entre individuos de CB, CBOU, CR y CM, en comparación con PI y CC, que forman un solo grupo en todos los ejes considerados. La suma de los tres primeros ejes explica el 72.03% de la diferenciación genética total. En cuanto a las distancias de Reynolds, se distinguen tres grupos, cada uno con dos razas. Hay un grupo bien diferenciado con PI y CC, con un valor de Bootstrap del 98%. Hay una mayor proximidad entre CB y CBOU, por un lado, y entre CM y CR, por otro. En relación con los resultados del programa STRUCTURE, se muestran los resultados gráficos de la asignación individual (q) para el K óptimo según el método de Evanno. Cuando $K = 6$, cada raza forma un solo clúster. No se observan subdivisiones ni cruces en ninguna de las razas, aunque se pueden observar algunos animales aislados con signos de cruce.

Los parámetros de diversidad genética para todas las razas muestran que CB presentó el mayor número medio de alelos con 7.05, y CBOU tuvo el más bajo con 5.05. En cuanto a la heterocigosidad, tanto la observada como la esperada, el CB tuvo los valores más altos con 0.743 y 0.728, respectivamente, mientras que el CBOU tuvo los valores más bajos con 0.582 y 0.624, respectivamente.

Factores críticos en la diferenciación molecular de

razas caninas en peligro de extinción

Análisis discriminante canónico

Evaluación de multicolinealidad

En la evaluación de la confiabilidad del modelo de análisis discriminante canónico, se llevó a cabo un examen detenido de la multicolinealidad (ver Tabla S1). La evaluación estadística involucró valores de tolerancia y factor de inflación de la varianza (VIF) para varios factores que influyen en el análisis.

En la primera ronda, variables como PIC, He y Ho mostraron valores de tolerancia notablemente bajos (0.004, 0.005 y 0.046, respectivamente), señalando una susceptibilidad a problemas de colinealidad. Los altos valores de VIF para variables como PIC (262.024) y He (196.114) indicaron aún más un nivel sustancial de multicolinealidad, lo que podría complicar la interpretación de sus contribuciones individuales.

Los resultados de la segunda ronda reforzaron la vulnerabilidad a problemas de colinealidad, con valores bajos de tolerancia observados para Ho (0.036), He (0.056) y Ae (0.079). Los correspondientes valores altos de VIF (27.541, 17.899 y 12.653) sugirieron una multicolinealidad sustancial. Notablemente, los marcadores de microsatélites como INU030, CXX279, REN162C04, AHT130, AHT171 mostraron niveles variables de tolerancia y VIF, subrayando la complejidad de sus relaciones dentro del marco genético.

Al pasar a la tercera ronda, se observaron valores de tolerancia moderados (0.088 a 0.123) y VIF relativamente altos (8.102 a 11.329) para variables como Ae, He, FIS límite superior del IC y HWEd-NS (valores No significativos), indicando posibles problemas de colinealidad. Los marcadores de microsatélites, incluidos AHT137, INU030, REN247M23, REN162C04, AHT260 demostraron niveles diversos de tolerancia y VIF, resaltando sus interacciones complejas. FIS y Número de Alelos mostraron tolerancia moderada (0.226 y 0.227) y VIF (4.419 y 4.413), sugiriendo su posible papel en explicar la variación genética.

La cuarta ronda proporcionó más información, revelando un equilibrio entre tolerancia y VIF para variables como FIS IC, HWEd-NS y FIS, sugiriendo su relevancia para explicar la variación genética sin introducir problemas de multicolinealidad. Los marcadores de microsatélites como AHT137, INU030, REN247M23 mostraron niveles variables de tolerancia y VIF, enfatizando sus contribuciones distintas. Notablemente, las variables con HWEd-ND (valores No determinados) y FH2848 demostraron tolerancia relativamente más

alta (0.311 y 0.312) y VIF moderado, sugiriendo su importancia en explicar la diversidad genética. Sin embargo, variables con valores de tolerancia muy bajos (0.000), como HWEd-HS (valores altamente significativos) y CXX279, indicaron una posible redundancia o contribución limitada al análisis.

En la quinta ronda, se observaron valores moderados de tolerancia (que van desde 0.194 hasta 0.273) junto con un VIF razonable para variables como HWEd-NS, HWEd-S (valores significativos), Número de Alelos y He, sugiriendo su importancia en explicar la variación genética sin introducir una multicolinealidad excesiva. Los marcadores de microsatélites como INU030, REN247M23, AHTH130 mostraron niveles variables de tolerancia y VIF, enfatizando sus contribuciones únicas. El marcador AHTK211 mostró una tolerancia más alta de 0.350, sugiriendo su importancia en explicar la diversidad genética con un menor riesgo de colinealidad.

Fiabilidad del Modelo y Potencial Explicativo

Los resultados estadísticos presentados indican la aplicación de una transformación Box-Cox con un valor de lambda (λ) de 0.005. El estadístico F calculado (2.266) supera el valor crítico de F (1.197), acompañado por un valor p inferior a 0.0001. Con grados de libertad para el numerador (DF1) establecidos en 305 y para el denominador (DF2) en 365, estos hallazgos rechazan fuertemente la hipótesis nula al nivel de significancia del 0.05. Los resultados sugieren que los efectos observados son estadísticamente significativos, enfatizando la presencia de una relación o diferencia significativa en los datos analizados. El bajo valor p subraya la confiabilidad de estos hallazgos, respaldando aún más la conclusión de que la prueba estadística aplicada proporciona evidencia sustancial en contra de la hipótesis nula. Además, el estadístico F observado de 58.083 supera significativamente el valor crítico de F de 1.488, lo que resulta en un valor p inferior a 0.0001. En consecuencia, hay evidencia convincente para rechazar la hipótesis nula al nivel de significancia del 0.05. Esto implica que el conjunto de variables dependientes bajo examen demuestra colectivamente un efecto o diferencia estadísticamente significativo. Los resultados del test de la raíz más grande de Roy

indican, por lo tanto, la presencia de una relación significativa dentro del conjunto de datos multivariados, aportando información valiosa al análisis.

Eficiencia del análisis

Los resultados presentados ofrecen información sobre los valores propios, porcentajes de discriminación y porcentajes acumulativos para un conjunto de cinco funciones discriminantes (F1 a F5), junto con la prueba de Bartlett para la significancia de los valores propios (Figura 1). Los valores propios representan la varianza explicada por cada factor, con F1 dominando con 46.619, seguido de valores decrecientes para F2 (0.915), F3 (0.540), F4 (0.245) y F5 (0.148). Los porcentajes de discriminación expresan la proporción de varianza atribuida a cada factor, siendo F1 significativo con un 96.187%, mientras que los factores subsiguientes contribuyen con porcentajes progresivamente más pequeños. Los porcentajes acumulativos indican que el primer factor (F1) explica una parte sustancial (96.187%) de la varianza total, con los factores subsiguientes sumando a la explicación acumulada.

La prueba de Bartlett para la significancia de los valores propios refuerza la validez de estos. Las altas estadísticas de Bartlett para F1 (548.758) y el valor p asociado de 0.000 subrayan la significancia estadística de F1, confirmando su contribución significativa al análisis. Sin embargo, los valores p para F2 a F5 son todos 1.000, sugiriendo que estos factores pueden no ser contribuyentes estadísticamente significativos. En general, estos resultados resaltan el predominio de F1 en la explicación de la mayoría de la variabilidad en el conjunto de datos, enfatizando su importancia potencial en análisis posteriores, al mismo tiempo que advierten en contra de depender en exceso de los otros factores debido a su falta de significancia estadística en este contexto.

Cargas discriminantes y representación espacial

Las cargas discriminantes para los marcadores de microsatélites y los parámetros de diversidad genética, junto con su peso relativo, se ilustran en las Figuras 2. Las cargas factoriales presentadas para el Factor 1 (F1) en un análisis factorial revelan la fuerza y

dirección de los parámetros de diversidad genética y los marcadores de microsatélites entre el factor latente y las variables individuales. Para F1, las cargas positivas son notablemente altas para los marcadores de microsatélites AHTK211 (carga = 1.418), ATH121 (carga = 1.652), AHT137 (carga = 1.747), AHTH130 (carga = 1.675), AHTH171 (carga = 1.760), AHTH260 (carga = 1.751), AHTK253 (carga = 1.802), FH2054 (carga = 1.758), FH2848 (carga = 1.655), INRA21 (carga = 1.797), INU005 (carga = 1.787), INU030 (carga = 1.770), INU055 (carga = 1.791), REN105L03 (carga = 1.706), REN162C04 (carga = 1.704), REN169D01 (carga = 1.775), REN169O18 (carga = 1.695), REN247M23 (carga = 1.775), REN54P11 (carga = 1.791), REN64E19 (carga = 1.776) y CXX279 (carga = 1.674). Estas cargas positivas indican una fuerte asociación positiva entre estas variables y F1. Por el contrario, variables como He (carga = -0.004), FIS IC Bajo (carga = -0.191), HWEd-NS (carga = -0.067), HWEd-ND (carga = -0.109), HWEd-S (carga = 0.000) y Marcador de Microsatélite-REN162C04 (carga = 0.000) exhiben cargas negativas, indicando una asociación negativa con F1. Los resultados numéricos brindan una comprensión precisa de las relaciones entre variables individuales y el factor latente F1. El mapa territorial en la Figura 3 muestra una clara diferenciación entre las razas, respaldada por las distancias de Mahalanobis.

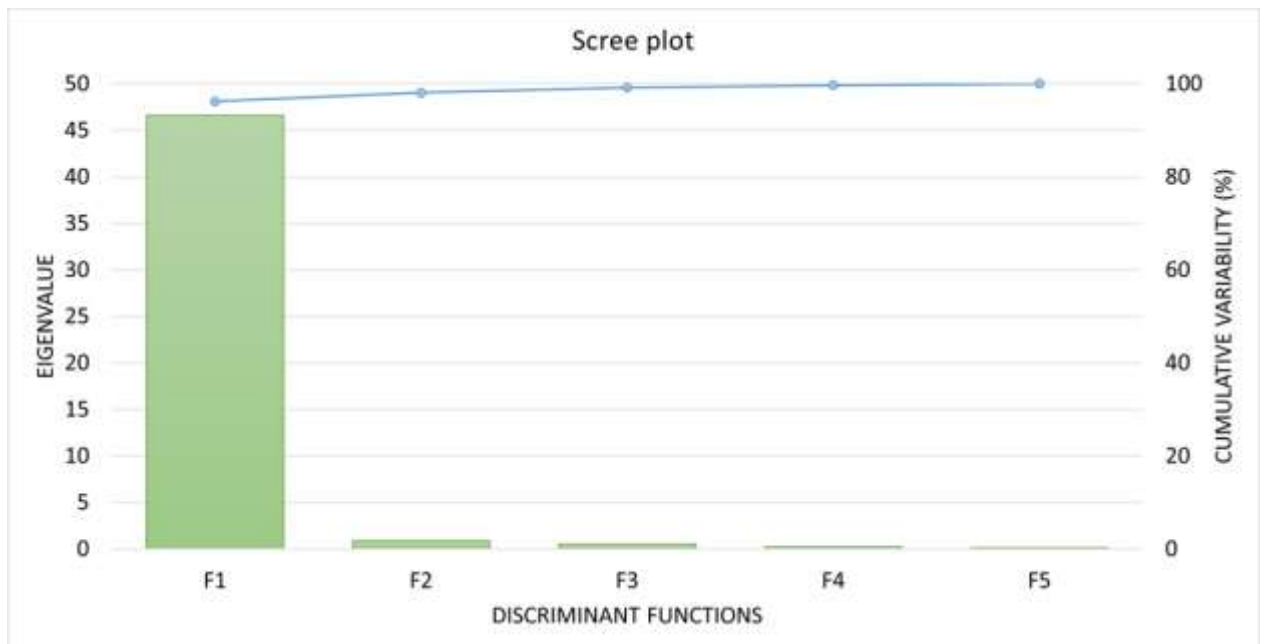


Figura 1. Valores propios, porcentajes de discriminación y porcentajes acumulativos para el conjunto revelado de cinco funciones discriminativas (F1 a F5).

HS ($\Lambda = 0.839$, $F = 5.065$), HWEd-ND ($\Lambda = 0.872$, $F = 3.876$), HWEd-NS ($\Lambda = 0.923$, $F = 2.207$), FIS ($\Lambda = 0.927$, $F = 2.088$), He ($\Lambda = 0.928$, $F = 2.041$), y Número de Alelos ($\Lambda = 0.933$, $F = 1.889$) exhiben un marcado poder discriminatorio, como indican sus valores Λ más altos. En contraste, varios marcadores de microsatélites, incluyendo ATH121, AHT137, AHTTh130, AHTTh171, AHTTh260, AHTK253, FH2054, FH2848, INRA21, INU005, INU030, INU055, REN105L03, REN162C04, REN169D01, REN169O18, REN247M23, REN54P11, REN64E19 y CXX279, presentan consistentemente valores Λ más bajos de 0.966.

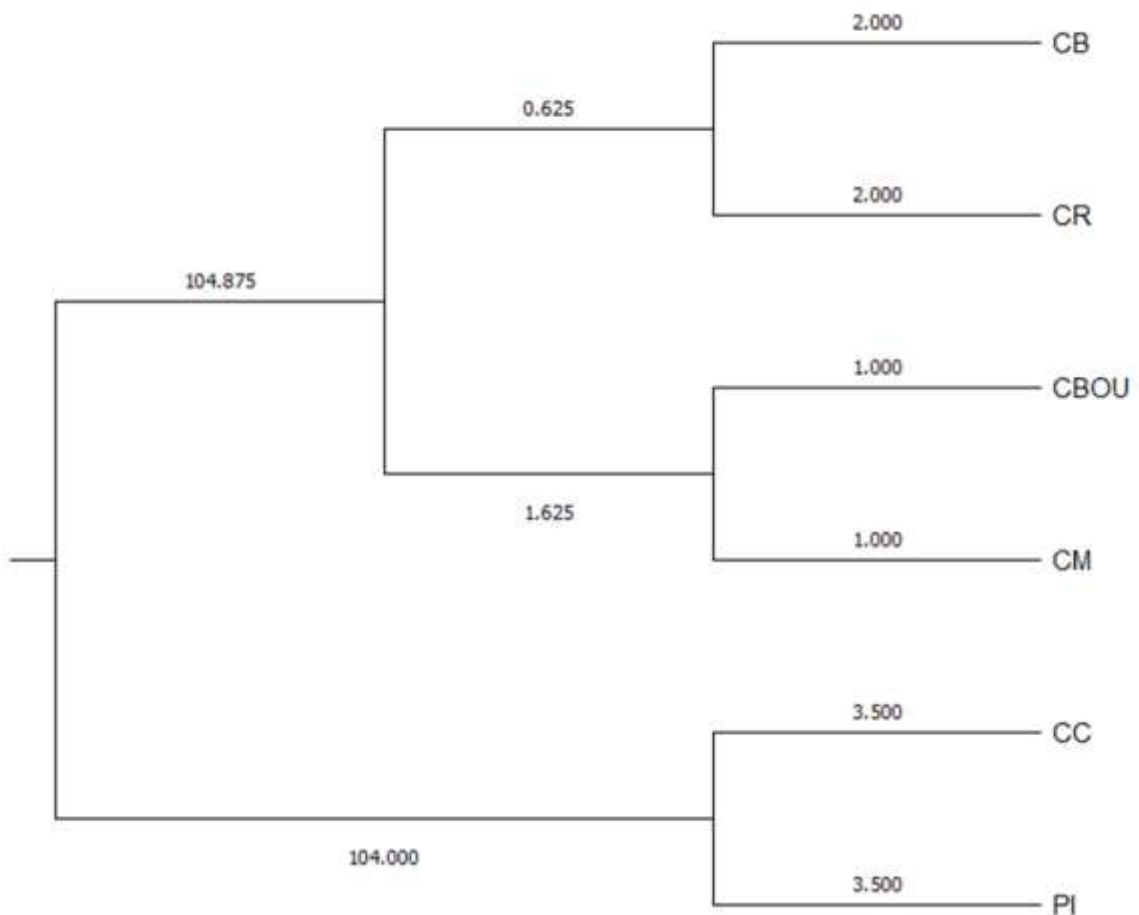


Figura 3. Mapa territorial que representa las distancias de Mahalanobis a través de razas de perros en peligro de extinción en las Islas Baleares. Ca de Bestiar (CB), Ca Rater (CR), Ca de Bou (CBOU), Ca Mè (CM), Ca de Conills (CC) y Podenco Ibicenco (PI).

Validación cruzada de análisis discriminante

El valor calculado de Q de Press, indicativo del rendimiento predictivo de un modelo estadístico, se sitúa en aproximadamente 194.26. Este valor se derivó utilizando una fórmula que tiene en cuenta el número total de observaciones (N), el número de valores predichos (n) y el número de parámetros del modelo (K). En este contexto, N es 138, n es 84 y K es 6. El valor de Q de Press supera el umbral crítico de 6.63, indicando una mejora estadísticamente significativa en las predicciones en comparación con el azar a un nivel de confianza del 95%. Esta solidez subraya la eficacia del modelo para capturar y explicar patrones dentro del conjunto de datos. La Figura 4 presenta la clasificación previa y posterior, probabilidades de pertenencia, puntuaciones y distancias al cuadrado para la validación cruzada.

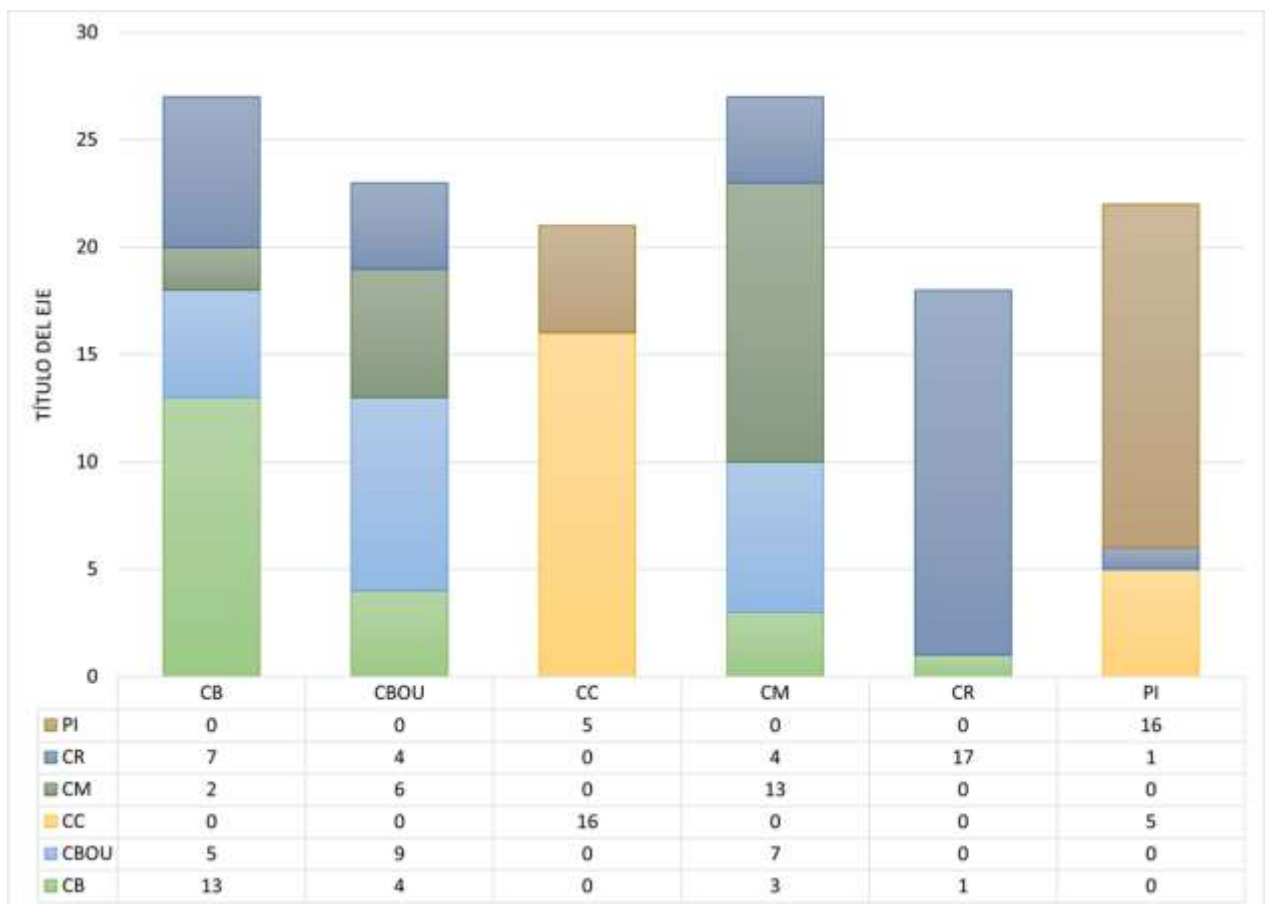


Figura 4. Razas Clasificación previa y posterior, probabilidades de pertenencia, puntuaciones y distancias al cuadrado. Ca de Bestiar (CB), Ca Rater (CR), Ca de Bou (CBOU), Ca Mè (CM), Ca de Conills (CC) y Podenco Ibicenco (PI).

Análisis del árbol CHAID

Metodología

Se exploró la diversidad genética y las características de las razas de perros a través de un análisis exhaustivo del árbol de decisiones, revelando información detallada en 42 nodos parentales. En la raíz (Nodo 1), no se identificó información específica de la raza. A medida que profundizamos en los subgrupos, el Nodo 2 destacó las razas con números de alelos que iban desde 2 hasta 11. El Nodo Parental 3 mostró las razas con valores de H_e que oscilaban entre 0.09 y 0.86. Especialmente, los Nodos 20 y 21 en el Nodo Parental 4 incluyeron razas con FIS en el rango de -1.16 a -0.11.

Avanzando, los Nodos 24 y 25 en el Nodo Parental 5 abarcaron las razas con valores de FIS límite superior IC entre 0.08 y 0.21. El Nodo Parental 6 (Nodos 26 a 28) capturó las razas con Ae que iban desde 1.94 hasta 5.64. Mientras tanto, los Nodos 29 y 30 en el Nodo Parental 7 incluyeron las razas con valores del FIS límite superior IC en el rango de 0.21 a 0.36. Los Nodos 31 y 32 en el Nodo Parental 8 representaron razas con FIS en el rango de -0.1 a 0.21.

El Nodo Parental 9 (Nodos 33 a 37) destacó razas con números de alelos que iban desde 7 hasta 11, mientras que los Nodos 20 y 21 en el Nodo Parental 10 consistían en razas con FIS entre -1.16 y 0.11. El Nodo Parental 11 (Nodos 40 a 43) mostró las razas con FIS en el rango de -0.15 a 0.17. El Nodo Parental 12 (Nodos 44 a 47) capturó las razas con valores de H_o de 0.37 a 0.72.

La exploración adicional del números de alelos en los Nodos 48 a 52 (Nodo Parental 13), Nodos 53 y 54 (Nodo Parental 14), y Nodos 55 y 56 (Nodo Parental 15) ofreció una comprensión más matizada. El Nodo Parental 16 (Nodos 57 y 58) cubrió razas con FIS que iban desde -0.1 hasta 0.05. Los Nodos 59 y 60 en el Nodo Parental 17 abarcaron las razas con valores de FIS límite superior IC entre 0.05 y 0.23. El Nodo Parental 18 (Nodos 61 y 62) incluyó razas con FIS en el rango de -0.03 a 0.03.

El Nodo Parental 19 (Nodos 63 y 64) se centró en razas con Ae de 2.73 a 2.93. Los nodos subsiguientes en los Nodos Parentales 20, 21, 22 y 23 proporcionaron una particularidad adicional, enfatizando los valores de Ho, Ae y FIS con IC dentro de grupos de razas específicos.

Los Nodos Parentales 24 a 42 enriquecieron aún más el análisis, abarcando diversas características de razas como Ae, valores de Ho y FIS. Finalmente, el Nodo Parental 43 (Nodos 117 a 121) arrojó luz sobre las razas con FIS que iban desde 0.15 hasta 0.31. Esta exploración detallada contribuye a una comprensión integral del intrincado panorama genético en diversas razas de perros, mejorando nuestro conocimiento de la genética canina. La Figura S1 del Suplemento representa el Árbol de Decisiones CHAID construido a partir de la información antes mencionada.

Discusión

En el análisis de multicolinealidad, se ha utilizado el factor de inflación de la varianza (VIF), hasta alcanzar un valor de 5, lo que sugiere una correlación moderada y que no sería necesario resolverlo. Se necesitaron 5 rondas para llegar a este valor, eliminando variables que estaban altamente correlacionadas. Destacando las correlaciones entre:

El PIC y la He explican la misma información. La heterocigosidad y el PIC reflejan el polimorfismo detectado para un marcador genético en una población estudiada, y su valor depende del número de alelos y sus frecuencias. Según Vaiman, et al. [21], existe una relación semilogarítmica entre el PIC y el número de alelos, de modo que cuando aumenta el número de alelos detectados, también lo hace el PIC. Según Martínez [22], hay una relación directa entre el PIC y la heterocigosidad, en el sentido de que cuando una aumenta, también lo hace la otra. El PIC siempre debería ser menor que He, y esta diferencia suele ser leve porque se debe al producto de las frecuencias de los alelos al cuadrado [23]. Incluso cuando se suman todas las combinaciones heterocigotas posibles, es probable que sean pequeñas las diferencias. El PIC es relevante para los cálculos de paternidad y es una medida mejor que He al incorporar la posibilidad de que un descendiente reciba el mismo alelo de ambos padres.

Según Dhanapal [24], la diferencia entre H_e y PIC es instructiva; el PIC estará más cerca de H_e cuando haya más alelos y una mayor uniformidad de frecuencias de alelos (donde es menos probable que los individuos tengan genotipos heterocigotos idénticos), y por lo tanto, es una medida útil de la diversidad efectiva que se puede comparar entre loci y poblaciones. El valor de PIC estará cerca de cero si no hay variación alélica y puede alcanzar un máximo de 1.0 si un genotipo tiene solo un alelo nuevo, lo cual es un fenómeno raro. Esto se utiliza principalmente para evaluar la diversidad de un gen o segmento de ADN en una población, lo que arrojará luz sobre la presión evolutiva sobre el alelo y la mutación que el locus podría haber experimentado a lo largo del tiempo.

La H_o y la H_e fueron determinadas y explican la misma información. Hay dos tipos de heterocigosidad: H_o , entendida como la proporción de individuos heterocigotos observados en una muestra de la población, y H_e o diversidad genética calculada a partir de las frecuencias alélicas de la muestra [25]. Si un individuo tiene dos alelos diferentes en un locus específico, el individuo es heterocigoto en ese locus; si los dos alelos son iguales, el individuo es homocigoto. H_o puede compararse con H_e , y las desviaciones entre estos valores pueden indicar dinámicas significativas en la población [26].

Según Alvariño Martínez [27], el análisis del coeficiente FIS es el que relaciona H_o con H_e . Si $H_o > H_e$, el valor de FIS es negativo y denota un exceso de heterocigotos; de lo contrario, es positivo e indica un déficit de heterocigotos en la muestra. Si H_o y H_e son similares, indica la ausencia de estratificación dentro de la raza [28]. Como se indicó anteriormente, en las razas de nuestro estudio no hay subpoblaciones dentro de las razas.

El A_e y la H_e explican la misma información. El número observado de alelos es el número real de alelos encontrados en una población, y el número efectivo de alelos es el número de alelos igualmente frecuentes que se necesitaría para lograr la misma H_e en la población estudiada [29]. Según Leroy [30], el número real de alelos siempre debería ser menor o eventualmente igual al número de alelos observados. Según Perez [29], los alelos de baja frecuencia contribuyen poco al número efectivo de alelos. Según Chybicki [31], A_e es el recíproco de la homocigosidad esperada, por lo que está absolutamente correlacionado con la diversidad genética medida como la H_e .

Según Greenbaum, et al. [32], A_e y H_e son medidas de la diversidad genética, donde A_e es una medida de diversidad genética que indica el potencial de una población para la adaptabilidad y persistencia a largo plazo, y se utiliza con menos frecuencia que H_e como medida de diversidad genética. H_e es un aspecto importante de la dinámica poblacional, ya que está directamente relacionado con el potencial evolutivo de la población y los efectos perjudiciales de la endogamia. Sin embargo, existen varios tipos diferentes de medidas de diversidad genética, en particular medidas basadas en la heterocigosidad y medidas basadas en la riqueza alélica. En conservación, a menudo hay preocupación por mantener los niveles más altos posibles de diversidad genética, tanto en heterocigosidad como en riqueza alélica. Establecer el objetivo genético en un 95% de probabilidad de frecuencia es apropiado en conservación, ya que su interpretación, en términos de confianza estadística, es la "riqueza alélica mínima retenida con un 95% de confianza", lo cual podría aplicarse en la gestión de programas genéticos o evaluaciones. La presencia de alelos indica el potencial para que la selección actúe sobre un alelo y, por lo tanto, está directamente relacionada con el potencial evolutivo de la población.

Y, por último, entre el límite superior de FIS con un IC del 95% y las HWEd-S explican la misma información. Según Çiftçi, et al. [33], los valores de FIS nos ayudan a detectar HWEd al medir la cantidad de deficiencia o exceso de heterocigotos observados en la muestra, con la relación $FIS = 1 - H_I/H_S$, siendo H_S la heterocigosidad media esperada dentro de las poblaciones; e H_I , la heterocigosidad media observada dentro de las poblaciones. Por lo tanto, el límite superior de FIS con un IC del 95% explicará la discrepancia de las HWEd-NS, y uno determinará si el otro será significativo. Si las poblaciones están en equilibrio de HW, el valor de FIS no será significativamente diferente de cero.

Según Alvariño Martínez [27], el coeficiente de endogamia de la población o FIS relaciona la H_o con la H_e en equilibrio de HW ($FIS = (H_e - H_o)/H_e$). Si $H_o > H_e$, el valor de FIS es negativo y denota un exceso de heterocigotos; de lo contrario, si el valor de FIS es positivo, indica un déficit de heterocigotos en la muestra.

En nuestro análisis estadístico y según la raíz de Roy, nuestro valor calculado de p es inferior al nivel de significancia $\alpha=0.05$, por lo que el análisis es significativo. La función

verdaderamente significativa es la primera, ya que explica el 96% de la variabilidad; con las dos primeras funciones, se explicaría el 98% de la varianza, y esta segunda variable se tendrá en cuenta para evaluar las diferencias entre razas. Según la prueba de Lambda de Wilks, las variables con mayor peso que explican este 98% de variabilidad son las HWEd, el FIS, la He y el número de alelos, según los valores de significancia de estas variables. El valor de las HWEd es la única variable que, según su valor de significancia, permanece por debajo de 0.05.

El dendrograma de distancia de Mahalanobis explicaría cómo se comportan las razas en términos de las variables de desviaciones del HWEd, FIS, He y el número de alelos, que explicarían el 98% de la variabilidad.

Las razas se agrupan en tres grupos: por un lado, CB y CR; por otro lado, CBOU y CM; y, por otro lado, PI y CC. La agrupación de CB y CR podría explicarse porque son razas con un mayor seguimiento debido a sus respectivas asociaciones y la contribución de datos de la asociación a la administración. La agrupación de CBOU y CM podría explicarse por la contribución irregular en la aportación de datos de las asociaciones, incluso en la recopilación de información genealógica. La agrupación de PI y CC se explica por provenir del mismo tronco.

Cualquier desviación significativa en las HWEd [34] indicará que la población podría estar subdividida, o que hay endogamia significativa o que existe flujo génico desde otra población.

Teniendo en cuenta las variables de HWEd, FIS, He y el número de alelos, el 60% de las observaciones son correctas, es decir, están atribuidas a la raza definida; por lo tanto, 84 de las 138 observaciones según el análisis molecular realizado se comportan de acuerdo con la población a la que pertenecen.

En el análisis del árbol de decisión CHAID, aparecieron 121 nodos o ramas y 43 nodos parentales, y entre ellos hay 138 objetos en competencia. El nodo raíz es la HWEd [34], del cual surgen dos ramas, una sería valores altamente significativos (HS) y significativos (S), y la otra sería valores no significativos (NS) y no determinados (ND). Desde el nodo de las HWEd con valores HS y S, se abre otra rama por el número de alelos. Desde el nodo del número de alelos, comienzan 7 ramas, 3 de ellas siendo nodos terminales y las otras cuatro

serían tres para el valor de FIS y la restante para Ae. Desde el nodo de FIS, hay otras 6 ramas, siendo 5 nodos terminales y 1 para el límite superior del IC del 95% del FIS. Desde el nodo Ae y ramificándose desde el nodo del número de alelos, comienzan tres ramas, dos de ellas siendo nodos terminales y una para el límite superior del IC del 95% del FIS.

A partir del nodo de las HWEd con valores ND y NS, se abre otra rama que pivota en la He. Del nodo He salen 9 ramas, siendo 2 de ellas nodos terminales, y las otras siete serían 3 de ellas para el valor del FIS, otras 3 para el número de alelos y el resto para la Ho. De los 3 nodos del FIS salen ramas, algunas de ellas van a nodos terminales y otras a nodos del número de alelos, Ho, límite inferior del IC del 95% de FIS y de estos a su vez se ramifican en nodos terminales y nodos del límite superior e inferior del IC del 95% del FIS, número de alelos, Ho, y estos a su vez en nodos terminales. De los 3 nodos del número de alelos parten ramas, algunas de ellas van a nodos terminales y otras a nodos del FIS, límite superior del IC del 95% de FIS, Ho y Ae y de éstos a su vez se ramifican en nodos terminales y nodos de Ae, Ho, y éstos a su vez en nodos terminales. Del nodo Ho parten ramas, algunas de ellas van a nodos terminales y otras a nodos de número alélico, y éstos a su vez se ramifican en nodos terminales y nodos de FIS y límite superior del IC del 95% del FIS, y éstos a su vez en nodos terminales.

En cuanto al CB, en referencia a las HWEd, se observan valores en toda la gama, desde HS y S hasta ND y NS. En referencia al número de alelos, sus valores oscilan entre 3 y 11. En referencia al valor del FIS, su valor oscila entre -1,16 y 0,115. En referencia a la Ae, su rango de valores va de 3,13 a 4,635. En referencia al límite superior del IC del 95% del FIS, su rango de valores va de 0,14 a 0,36. En referencia a la He, su intervalo de valores va de 0,54 a 0,86. En referencia a la Ho, su intervalo de valores va de 0,535 a 0,635. En cuanto al límite inferior del IC del 95% del FIS, su intervalo de valores va de -0,280 a -0,04.

En cuanto al CBOU, en referencia a las HWEd, sólo se observan valores en el rango de ND y NS. En referencia al número de alelos, sus valores oscilan entre 4 y 11. En referencia al valor FIS, su rango de valores va de -0,35 a 0,17. En cuanto a la Ae, su rango de valores va de 2,73 a 4,53. En referencia al límite superior del IC del 95% del FIS, su rango de valores va de 0,05 a 0,265. En referencia a la He, su intervalo de valores va de 0,09 a 0,805. En

referencia al H_o , su intervalo de valores va de 0,37 a 0,81. En referencia al límite inferior del IC del 95% del FIS, su rango de valores va de -0,91 a -0,08.

En cuanto al CC, en referencia a las HWEd, se observan valores en toda la gama, desde HS y S hasta ND y NS. En referencia al número de alelos, su valor oscila entre 3 y 10,5. En cuanto al valor FIS, su rango de valores va de -0,18 a 0,21. En referencia a la Ae, su rango de valores va de 1,94 a 4,635. En referencia al límite superior del IC del 95% del FIS, su rango de valores va de -0,02 a 0,36. En referencia a la He, su intervalo de valores va de 0,54 a 0,86. En referencia a la H_o , su intervalo de valores va de 0,535 a 0,745. En cuanto al límite inferior del IC del 95% del FIS, su intervalo de valores va de -0,91 a -0,57.

En cuanto al CM, en referencia a las HWEd, sólo se observan valores en el rango de ND y NS. En referencia al número de alelos, sus valores van de 4 a 11. En referencia al valor del FIS, su rango de valores va de -0,15 a 0,135. En referencia a la Ae, su rango de valores va de 2,63 a 4,53. En referencia al límite superior del IC del 95% del FIS, su rango de valores va de 0,04 a 0,39. En referencia a la He, su intervalo de valores va de 0,29 a 0,86. En referencia a la H_o , su intervalo de valores va de 0,37 a 0,745. En cuanto al límite inferior del IC del 95% del FIS, su intervalo de valores va de -0,57 a -0,15.

En cuanto al CR, en referencia a las HWEd, se observan valores en toda la gama, desde HS y S hasta ND y NS. En referencia al número de alelos, sus valores oscilan entre 2 y 11. En referencia al valor FIS, su rango de valores va de -0,635 a 0,17. En referencia a la Ae, su rango de valores va de 2,71 a 5,64. En cuanto al límite superior del IC del 95% del FIS, su intervalo de valores va de 0,04 a 0,28. En referencia a la He, su intervalo de valores va de 0,09 a 0,86. En cuanto a la H_o , su intervalo de valores va de 0,37 a 0,745. En cuanto al límite inferior del IC del 95% del FIS, su intervalo de valores va de -0,57 a -0,15.

En cuanto a PI, en referencia a las HWEd, se observan valores en toda la gama, desde HS y S hasta ND y NS. En referencia al número de alelos, sus valores oscilan entre 2 y 9,5. En referencia al valor del FIS, su rango de valores va de -0,15 a 0,135. En referencia a la Ae, su rango de valores va de 2,745 a 5,64. En referencia al límite superior del IC del 95% del FIS, su rango de valores va de 0,07 a 0,28. En referencia a la He, su intervalo de valores va de 0,54 a 0,86. En cuanto a la H_o , su intervalo de valores va de 0,565 a 0,81. En cuanto al límite inferior del IC del 95% del FIS, su intervalo de valores va de -0,57 a -0,08.

En cuanto a las HWEd, existen diferencias entre las razas, comportándose de la misma manera la CBOU y CM que tienen valores ND y NS y por otro lado la CB, CC, CR y PI que tienen valores en todo el rango, por lo que tienen algunos alelos con HWEd. ya descrito por Garrido, et al. [35] en el Alano Español, donde comenta que se ha detectado una HWEd para dos microsatélites debido a un déficit de heterocigotos. El 77,5% de los alelos están en equilibrio de HW, el 7,2% de los alelos tienen un desequilibrio altamente significativo, el 7,9% de los alelos tienen un desequilibrio significativo y el 7,2% de los alelos son indeterminados. Según Abramovs, et al. [36], el equilibrio HW es un principio fundamental en genética de poblaciones, que establece que las frecuencias genotípicas en una población permanecen constantes entre generaciones en ausencia de perturbaciones por factores externos. Según Waples [37], los factores que tienen más probabilidades de producir desviaciones específicas de un locus con respecto al equilibrio de HW incluyen el apareamiento selectivo, los alelos nulos o los errores/artefactos de genotipado y vinculación sexual (diferencias en la frecuencia de alelos entre sexos que provocan un exceso de heterocigosidad), e incluso comenta que si se pueden identificar uno o varios loci problemáticos que tienen HWEd que pueden atribuirse a la dificultad para registrar el genotipo verdadero, esos loci podrían eliminarse del conjunto de datos para análisis posteriores

En cuanto al número de alelos, existen diferencias entre las razas tanto en su rango en el límite inferior como en su límite superior, ya que para el límite inferior el valor es 2 y sólo encontramos el CR y PI, a partir de 3 ya aparecen el CB y CC y a partir de 4 aparecen el CBOU y CM. Y debido al límite alto, el PI desaparece a partir de 9,5, el CC a partir de 10,5 y el resto de las razas CB, BOU, CM y CR alcanzan el valor de 11. Según estos datos, el CR es el que tiene un rango más alto de 2 a 11, lo que indicaría una mayor riqueza alélica, y el que tiene un rango más bajo es el CM de 4 a 11. Resultados menores han sido descritos por Garrido, et al. [35], para el Alano Español donde su rango de valores oscilaba entre 3 y 7, rango mayor que el descrito por nuestros resultados San José, et al. [38] para el Podenco Valenciano, donde el rango era de 6-15. Según Greenbaum, et al. [32], la riqueza alélica (número de alelos) es una medida de diversidad genética indicativa del potencial de adaptabilidad y persistencia a largo plazo de una población.

En cuanto al valor del FIS existen diferencias entre las razas tanto en su valor inferior como en su valor superior, en cuanto al valor bajo, el dato es -1.16 y solamente nos encontramos al CB, a partir de valores de -0.635 ya aparece el CR, en valores de -0.35 aparece el CBOU, en valores de -0.18 aparece el CC y a partir de valores -0.15 ya aparece el CM y PI. Y por el lado alto el CB desaparece a partir del valor 0.115, el CM y PI a partir del valor 0.135, el CBOU y CR a partir del valor 0.17 y el CC llega hasta el valor de 0.21. El mayor rango entre valores lo encontramos para el CB con un valor de 1.27, valor superior al reportado por Koskinen, et al. [39] para el Terrier Bedlington y el menor rango lo encontramos para el CM y PI con un valor de 0.285, valor parecido al descrito por Koskinen, et al. [39] para el perro salchicha de pelo duro, y nuestros valores son superiores todos ellos a los reportados para poblaciones finlandesa de cinco razas caninas por Koskinen, et al. [39]. Según Kardos, et al. [40], el FIS oscila entre -1 y 1, y valores positivos indican que los emparejamientos están más estrechamente relacionados en promedio de lo esperado, y un déficit de heterocigotos y los valores negativos de FIS indican que, por término medio, los emparejamientos están menos emparentadas de lo que cabría esperar por azar, lo que da lugar a un exceso de heterocigotos, por lo que el FIS no debe considerarse una medida del grado de endogamia individual en una población.

En cuanto al valor del Ae existen diferencias entre las razas tanto en su rango por el límite inferior como en su límite superior, en cuanto al límite bajo el valor es 1.94 y solamente nos encontramos al CC, a partir de valores de 2.63 ya aparece el CM, en valores de 2.71 aparece el CR, en valores de 2.73 aparece el CBOU, en valores de 2.745 aparece el PI y a partir de valores de 3.13 ya aparece el CB. Y por el límite alto el CBOU y CM desaparece a partir del valor 4.53, el CB y CC a partir del valor 4.635 y el CR y PI llegan hasta el valor de 5.64. Según estos valores el CR es el que tiene el rango mayor de 2.71 a 5.64 y el que menor rango tiene es el CB que va de 3.13 a 4.635. Resultados menores fueron reportados por Czyż, et al. [41] para el Chihuahua con un rango de 3.33 a 5.44 y resultados mayores para el Pastor Caucásico con un rango de 2.37 a 5.33. Según Greenbaum, et al. [32], Ae es una medida de la diversidad genética, indicativa del potencial de adaptabilidad y persistencia a largo plazo de una población.

En cuanto al valor del límite superior del IC del FIS existen diferencias entre las razas, tanto en su límite inferior como en su límite superior, en cuanto al valor bajo el valor es 0.02 y solamente nos encontramos al CC, a partir de valores de 0.04 ya aparece el CM y CR, en valores de 0.05 aparece el CBOU, en valores de 0.07 aparece el PI y a partir de valores de 0.14 ya aparece el CB. Y por el valor alto el CBOU desaparece a partir del valor 0.265, el CR y PI a partir del valor 0.28, el CB y CC a partir del valor 0.36 y el CM llegan hasta el valor de 0.39. Es un rango de valores que con un 95% de probabilidad el límite alto valor del FIS se encuentre entre estos valores.

En cuanto al valor de la H_e existen diferencias entre las razas tanto en su límite inferior como en su límite superior, en cuanto al límite bajo el valor es 0.09 y nos encontramos al CBOU y CR, a partir de valores de 0.29 ya aparece el CM y a partir de valores de 0.54 ya aparece el CB, CC y PI. Y por el límite alto el CBOU desaparece a partir del valor 0.805 y el resto de las razas CB, CC, CM, CR y PI llegan hasta el valor de 0.86. El CR ocupa todo el rango de valores desde 0.09 a 0.86, que nos indicaría un mayor grado de diversidad genética, valor superior al reportado por Koskinen, et al. [39] para el Terrier Bedlington y el que menor rango tiene es CB que va desde 0.54 a 0.86, valor parecido al descrito por Koskinen, et al. [39] para el perro salchicha de pelo duro. Según Dzitsiuk, et al. [42] el análisis de la heterocigosidad es importante para estudiar la dinámica de los procesos genéticos en las poblaciones, porque la heterocigosidad tiene un efecto sobre muchos factores, incluidas las mutaciones, la selección, el apareamiento no aleatorio, la deriva genética, etc., por lo que se requiere un seguimiento continuo de la diversidad genética para su identificación oportuna y el desarrollo de medidas para mejorar el trabajo de cría sobre la biodiversidad en diferentes razas de perros. Según Harris AM [43], la diversidad genética, o H_e , es una estadística común para evaluar la variación genética dentro de las poblaciones. La estimación de esta estadística disminuye en exactitud y precisión cuando los individuos están relacionados o son endogámicos, debido a una mayor dependencia entre las copias de alelos en la muestra.

En cuanto al valor de la H_o existen diferencias entre las razas tanto en su límite inferior como en su límite superior, en cuanto al límite bajo el valor es 0.37 y nos encontramos al CBOU, CM y CR, a partir de valores de 0.535 ya aparece el CB y CC y a partir de valores de 0.565 ya aparece el PI. Y por el límite alto el CB desaparece a partir del

valor 0.635, el CC, CM y CR a partir del valor 0.745 y el resto de las razas CBOU y PI llegan hasta el valor de 0.81. El CBOU ocupa todo el rango de valores desde 0.37 a 0.81, que nos indicaría un mayor grado de heterocigotos, valor superior al reportado por Koskinen, et al. [39] para el perro salchicha de pelo duro y el menor rango el CB con valores desde 0.535 hasta 0.635, valor parecido al reportado por Czyż, et al. [41] para el Chihuahua. Según Valdez [44] la H_o es la proporción de organismos heterocigotos calculada a partir de los genotipos observados en una muestra poblacional. Los animales con un alto grado de heterocigosidad dentro de una raza se ven menos afectados por la endogamia que los que tengan un bajo grado de heterocigosidad. Los tamaños de población pequeños y la endogamia pueden disminuir la heterocigosidad de una raza.

En cuanto al valor del límite inferior IC del FIS existen diferencias entre las razas, tanto en su límite inferior como en su límite superior, en cuanto al valor bajo el valor es -0.91 y nos encontramos al CBOU y CC, a partir de valores de -0.57 ya aparece el CM, CR y PI y a partir de valores de -0.28 ya aparece el CB. Y por el valor alto el CC desaparece a partir del valor -0.57, el CM y CR a partir del valor -0.15, el CBOU y PI a partir del valor -0.08 y el CB llegan hasta el valor de -0.04.

Conclusiones

La caracterización genética molecular nos ayuda a comprender la situación de una raza para establecer programas de cría. Si estas razas son también autóctonas, con poblaciones bajas y en riesgo de extinción, el papel se vuelve aún más crucial al implementar programas de recuperación. Según nuestro estudio, los parámetros más interesantes para calcular y comprender la diversidad genética intra e interracial serían las desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg, el número efectivo de alelos, el Coeficiente de consanguinidad y sus límites superior e inferior del intervalo de confianza del 95%, Heterocigosidad esperada, y heterocigosidad observada.

Las razas de perros de las Islas Baleares son genéticamente homogéneas, en equilibrio de HW, con diversidad genética de moderada a alta, excepto CBOU, que está en un nivel más bajo, sin subpoblaciones y con una diferenciación completa entre razas. La falta de

conocimiento de estas variables en las poblaciones puede llevar a la inacción, lo que, a su vez, puede resultar en un aumento de la endogamia en poblaciones en riesgo de depresión endogámica y en un aumento de las frecuencias alélicas que pueden causar enfermedades, generalmente recesivas.

Los programas de cría para estas razas deberían basarse en el objetivo de aumentar el número de individuos en la población, manteniendo la máxima diversidad genética de los fundadores de la raza, causando aumentos mínimos en la endogamia, con la posibilidad de incluir apareamientos dirigidos para aumentar la diversidad genética de la población.

Contribuciones de los autores:

Conceptualización, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Curación de datos, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Análisis formal, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Obtención de fondos, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez y Juan Vicente Delgado Bermejo; Investigación, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza y Francisco Javier Navas González; Metodología, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Administración del proyecto, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez y Juan Vicente Delgado Bermejo; Recursos, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez y Juan Vicente Delgado Bermejo; Software, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza y Francisco Javier Navas González; Supervisión, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Validación, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez y Francisco Javier Navas González; Visualización, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Redacción - borrador original, José Manuel Alanzor Puente y Francisco Javier Navas González; Redacción - revisión y edición, José Manuel

Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. Todos los autores leyeron y aceptaron la versión publicada del manuscrito.

Financiación

La presente investigación se llevó a cabo durante el periodo de cobertura de un Contrato Postdoctoral Ramón y Cajal con la referencia MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea "NextGenerationEU"/PRTR.

Declaración de la Junta de Revisión Institucional

No aplica.

Declaración de consentimiento informado

No aplica.

Declaración de disponibilidad de datos

Los datos se pondrán a disposición del autor correspondiente previa solicitud razonable. Tabla S1. Análisis de multicolinealidad de los marcadores microsatélites y los parámetros de diversidad genética de las razas caninas de baleares.

Reconocimientos

Los autores expresan su sincero agradecimiento a la Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí y Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya por su inestimable apoyo y colaboración en la publicación de ideas y datos esenciales que finalmente se utilizaron para este estudio. El compromiso y dedicación de estas organizaciones a la preservación y promoción de las razas caninas en las Islas Baleares

han enriquecido significativamente la investigación, permitiendo su comprensión integral y permitiendo la evaluación de la dinámica genética y los patrones evolutivos de las razas y grupos de razas presentes en el archipiélago. Su experiencia y contribuciones han sido fundamentales para avanzar en nuestro conocimiento de las poblaciones de razas, lo que refleja su profundo compromiso con la conservación y el bienestar de estas razas caninas únicas.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses

Referencias

1. Navas, F. I Curso Formación de Jueces Ca de Conills Menorca. 2022.
2. Martínez, A.; Vega, J.L.; Delgado, J.V. Caracterización genética de razas de caza: casos aplicados a Mallorca. *Recerca i gestió dins l'àmbit cinegètic. Mon. Soc. Hist. Nat. Balears* **2019**, *28*, 115-117.
3. Parker, H.G.; Kim, L.V.; Sutter, N.B.; Carlson, S.; Lorentzen, T.D.; Malek, T.B.; Johnson, G.S.; DeFrance, H.B.; Ostrander, E.A.; Kruglyak, L. Genetic structure of the purebred domestic dog. *science* **2004**, *304*, 1160-1164.
4. Aguilera, L.; Canales, A.; Pons, A.; Delgado, J.; Martínez, A. Caracterización genética del Ca Rater Mallorquí con microsatélites. *Archivos de zootecnia* **2022**, *71*, 270-276.
5. Davies, N.; Villablanca, F.X.; Roderick, G.K. Determining the source of individuals: multilocus genotyping in nonequilibrium population genetics. *Trends in ecology & evolution* **1999**, *14*, 17-21.
6. Solano-Gallego, L.; Lull, J.; Ramos, G.; Riera, C.; Arboix, M.; Alberola, J.; Ferrer, L. The Ibizian hound presents a predominantly cellular immune response against natural Leishmania infection. *Veterinary parasitology* **2000**, *90*, 37-45.
7. Walsh, P.S.; Metzger, D.A.; Higuchi, R. Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *Biotechniques* **1991**, *10*, 506-513.
8. Park, S.D.E. Trypanotolerance in West African cattle and the population genetic effects of selection. *Ph. D. thesis, University of Dublin* **2001**.
9. Belkhir, K. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. <http://www.genetix.univ-montp2.fr/genetix/genetix.htm> **2004**.
10. Pritchard, J.K.; Stephens, M.; Donnelly, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **2000**, *155*, 945-959.
11. Yeh, F. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. *Belgian J. Bot.* **1997**, *129*, 157.
12. Raymond, M. Population genetics software for exact test and ecumenicism. *J Heredity* **1995**, *86*, 248-249.

13. Guo, S.W.; Thompson, E.A. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics* **1992**, 361-372.
14. Wright, S. *Evolution and the genetics of populations: Vol. 2. The theory of gene frequencies*; 1969.
15. Reynolds, J.; Weir, B.S.; Cockerham, C.C. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics* **1983**, 105, 767-779.
16. Langella, O. Populations 1.2. 28 (12/5/2002): a population genetic software. CNRS UPR9034. **1999**.
17. Evanno, G.; Regnaut, S.; Goudet, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology* **2005**, 14, 2611-2620.
18. Earl, D.A.; VonHoldt, B.M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation genetics resources* **2012**, 4, 359-361.
19. Kopelman, N.M.; Mayzel, J.; Jakobsson, M.; Rosenberg, N.A.; Mayrose, I. Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular ecology resources* **2015**, 15, 1179-1191.
20. Méndez, S.; Dunner, S.; García, J.; de Argüello, S.; Crespo, M.; Chomón, N.; Calderón, L.; Sañudo, B.; Cañón, J. Caracterización del perro de agua del cantábrico. *Archivos de zootecnia* **2011**, 60, 405-408.
21. Vaiman, D.; Mercier, D.; Moazami-Goudarzi, K.; Eggen, A.; Ciampolini, R.; Lépingle, A.; Velmala, R.; Kaukinen, J.; Varvio, S.-L.; Martin, P. A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mammalian Genome* **1994**, 5, 288-297.
22. Martínez, M.A.M. Caracterización genética del cerdo Ibérico mediante marcadores moleculares. Universidad de Córdoba (ESP), 2001.
23. Cunningham, M. What is the difference between polymorphic information content (PIC) and heterozygosity (H) in parentage testing?. Retrieved from: . Available online: https://www.researchgate.net/post/What_is_the_difference_between_polymorphic_information_content_PIC_and_heterozygosity_H_in_parentage_testing/59db4684f7b67ebf21155d7e/citation/download (accessed on
24. Dhanapal, A.P. What is the difference between polymorphic information content (PIC) and heterozygosity (H) in parentage testing? Available online: https://www.researchgate.net/post/What_is_the_difference_between_polymorphic_information_content_PIC_and_heterozygosity_H_in_parentage_testing/5464d094d685cce21b8b45e9/citation/download. (accessed on
25. Nei, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* **1978**, 89, 583-590.
26. Official website of the United States government, D.o.J. Population Genetics and Statistics for Forensic Analysts. Available online: <https://nij.ojp.gov/nij-hosted-online-training-courses/population-genetics-and-statistics-forensic-analysts/population-theory/population-genetics/heterozygosity> (accessed on
27. Alvariño Martínez, P. Evaluación de la diversidad genética y de parentesco en poblaciones de Rubia Gallega (Bos Taurus). **2019**.
28. Cañas-Álvarez, J.; González-Rodríguez, A.; Munilla, S.; Varona, L.; Díaz, C.; Baro, J.; Altarriba, J.; Molina, A.; Piedrafita, J. Genetic diversity and divergence among Spanish beef cattle breeds assessed by a bovine high-density SNP chip. *Journal of Animal Science* **2015**, 93, 5164-5174.

29. Perez, M. What is the difference between effective number of alleles and observed number of alleles? Available online: <https://www.researchgate.net/post/What-is-the-difference-between-effective-number-of-alleles-and-observed-number-of-alleles/562a2f416307d92a918b4625/citation/download>. (accessed on
30. Leroy, G. Re: What is the difference between effective number of alleles and observed number of alleles? Available online: <https://www.researchgate.net/post/What-is-the-difference-between-effective-number-of-alleles-and-observed-number-of-alleles/5629fae45cd9e3b0098b4578/citation/download>. (accessed on
31. Chybicki, I. How can I calculate mean number of alleles per locus (A) and effective number of alleles per locus (Ae) in case of genetic diversity analysis ? Available online: <https://www.researchgate.net/post/How-can-I-calculate-mean-number-of-alleles-per-locus-A-and-effective-number-of-alleles-per-locus-Ae-in-case-of-genetic-diversity-analysis/55ae62535e0d97d3898b463a/citation/download>. (accessed on
32. Greenbaum, G.; Templeton, A.R.; Zarmi, Y.; Bar-David, S. Allelic richness following population founding events—a stochastic modeling framework incorporating gene flow and genetic drift. *PLoS one* **2014**, *9*, e115203.
33. Çiftci, Y.; Okumuş, İ. Fish population genetics and applications of molecular markers to fisheries and aquaculture: I-Basic principles of fish population genetics. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* **2002**, *2*.
34. Schober, P.; Boer, C.; Schwarte, L.A. Correlation coefficients: appropriate use and interpretation. *Anesthesia & analgesia* **2018**, *126*, 1763–1768.
35. Garrido, J.; Capote, C.B.; Morera, L.; de Andrés Cara, D.F.; Barbancho, M. Detección de variabilidad genética por microsatélites en el alano español. *Archivos de zootecnia* **1999**, *48*, 63–70.
36. Abramovs, N.; Brass, A.; Tassabehji, M. Hardy–Weinberg equilibrium in the large scale genomic sequencing era. *Frontiers in genetics* **2020**, *11*, 210.
37. Waples, R.S. Testing for Hardy–Weinberg Proportions: Have We Lost the Plot? *Journal of Heredity* **2014**, *106*, 1–19, doi:10.1093/jhered/esu062.
38. San José, C.; Cárcel, M.J.; Tejedor, M.T.; Monteagudo, L.V. Microsatellite DNA markers applied to the classification of the Podenco Valenciano canine breed. *Italian Journal of Animal Science* **2018**, *17*, 49–52.
39. Koskinen, M.; Bredbacka, P. Assessment of the population structure of five Finnish dog breeds with microsatellites. *Animal genetics* **2000**, *31*, 310–317.
40. Kardos, M.; Taylor, H.R.; Ellegren, H.; Luikart, G.; Allendorf, F.W. Genomics advances the study of inbreeding depression in the wild. *Evolutionary applications* **2016**, *9*, 1205–1218.
41. Czyż, K.; Filitowicz, A.; Przysiecki, P.; Vrtková, A.E. Genetic distance between three breeds of dogs based on selected microsatellite sequences. *Animal science papers and reports* **2016**, *34*, 95–102.
42. Dzitsiuk, V.; Kruhlyk, S.; Spyrydonov, V. GENETIC ANALYSIS GERMAN SHEPHERD BREED DOGS USING MICROSATELLITE DNA MARKERS. *Animal Breeding and Genetics* **2016**, *52*, 166–171.
43. Harris AM, D.G.M. An Unbiased Estimator of Gene Diversity with Improved Variance for Samples Containing Related and Inbred Individuals of any Ploidy. Available online: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5295611/> (accessed on
44. Valdez, M.A.T. Análisis de la estructura poblacional del Dorado en el noroeste del pacífico Mexicano. 2009.

4.2 Diferenciación molecular de razas: ajuste fino de paneles de marcadores microsatélites para una distinción genética precisa en razas autóctonas de perros de baleares

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza ², Inés Concepción Felipe ³, María del Amparo Martínez Martínez³, Juan Vicente Delgado Bermejo ³ y Francisco Javier Navas González ³

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural Govern Illes Balears, 07009 Palma, España.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, España.

³ Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.

Información sobre el indicador de calidad que figura en la publicación

*Información más reciente disponible (2022)

Estado del manuscrito: Publicado

Revista (año, volumen, páginas): Archivos de Zootecnia, Año 2023, volumen 72, Número 280, Páginas 304-308.

Base de datos internacional en la que está indexada: ScimagoJournal & Country Rank (SJR)

Área temática en la base de datos de referencia: Animal Science and Zoology

Índice de impacto de la revista en el año de publicación del artículo: 0.17

Clasificación/número de revistas en el área temática: 216/447 (Q4)

Resumen

Este estudio explora la diferenciación genética de las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares a través del ajuste fino de paneles de marcadores de microsatélites. Se utilizan marcadores de microsatélites para desentrañar las complejidades genéticas dentro de las poblaciones, siendo cada marcador una firma molecular única. El estudio investiga la eficacia de estos marcadores en la delineación de razas distintas dentro de la población canina de las Islas Baleares, proporcionando información sobre diversidad genética, informatividad y desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg. Los marcadores de microsatélites examinados forman una narrativa molecular, representando las historias genéticas de las razas caninas de baleares. Los resultados revelan marcadores específicos con valores consistentes, indicando homogeneidad dentro de las razas, mientras que otros muestran variabilidad, especialmente en razas con menor diversidad genética. La discusión enfatiza la selección de marcadores para un panel integral, considerando las sutilezas de la diversidad genética en diferentes razas. Los hallazgos contribuyen información valiosa para la gestión, conservación y programas de selección de razas. Los agradecimientos expresan gratitud a las asociaciones de razas por su apoyo, enriqueciendo el estudio con datos esenciales. En general, esta investigación perfecciona nuestra comprensión de las dinámicas genéticas en las razas caninas de baleares, reportando decisiones para su gestión sostenible.

Palabras claves

Islas Baleares; Diversidad de razas caninas; Microsatélites de ADN; Caracterización genética.

Introducción

Los marcadores de microsatélites, también conocidos como repeticiones cortas en tándem (STR), forman un componente crucial de los estudios genéticos, ya que ofrecen información única sobre la diversidad [1] y las relaciones dentro de las poblaciones [2]. En el ámbito de las razas caninas de baleares, estos marcadores de microsatélites sirven como señales genéticas, guiando a los investigadores a través del intrincado panorama de los genomas caninos.

La lista de marcadores de microsatélites [3] proporcionada abarca un conjunto diverso de loci, cada uno con su secuencia específica de nucleótidos. Estos marcadores, como AHT137, AHT130 y otros, se seleccionan por su naturaleza polimórfica [4], donde el número de unidades repetidas varía entre individuos. Este polimorfismo permite la creación de perfiles genéticos distintos, convirtiendo cada marcador en una firma molecular para cada perro.

La diversidad genética, un aspecto fundamental de la salud de la población, se revela a través del análisis de estos marcadores. El número medio de alelos y los valores esperados de heterocigosidad proporcionan una medida cuantitativa de la riqueza genética [5] dentro de cada raza. Los marcadores, que actúan como ventanas al genoma canino, revelan la composición genética única de las razas de perros de baleares.

Las desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg [6] observadas en algunos marcadores insinúan la compleja interacción de las fuerzas evolutivas dentro de estas poblaciones. Estas desviaciones, ya sean debidas a presiones selectivas, deriva genética u otros factores, añaden capas de matices a nuestra comprensión de la dinámica genética en juego.

La capacidad informativa, medida a través de parámetros como el contenido de información polimórfica (PIC), subraya la utilidad de estos marcadores para distinguir entre individuos [7]. Los marcadores altamente informativos contribuyen significativamente a la precisión de los análisis genéticos, ayudando en la delineación de relaciones genéticas y la identificación de rasgos genéticos únicos dentro de cada raza.

Más allá de las fronteras de las razas individuales, estos marcadores de microsatélites tejen un tapiz genético que conecta las poblaciones caninas de baleares. Facilitan el examen de las relaciones genéticas entre razas [2], ofreciendo destellos de la ascendencia compartida y ayudando a los esfuerzos de conservación de estos linajes caninos distintos.

En esencia, los marcadores de microsatélites enumerados se erigen como narradores moleculares [8], narrando los relatos genéticos de las razas caninas de baleares. Sus melodías polimórficas se hacen eco de la diversidad dentro de cada raza, sus variaciones alélicas pintan retratos de individualidad y sus desviaciones del equilibrio revelan las danzas evolutivas que dan forma a los paisajes genéticos de estas notables poblaciones caninas.

El objetivo principal de este estudio es evaluar la eficacia del panel de marcadores de microsatélites empleado para la diferenciación de distintas razas dentro de la población canina balear. Esta evaluación tiene como objetivo examinar rigurosamente la capacidad del panel seleccionado para discernir las variaciones genéticas y delinear los perfiles específicos de la raza. A través de un análisis meticuloso, buscamos determinar el poder discriminatorio, la información y la idoneidad general de los marcadores de microsatélites para dilucidar las características genéticas específicas de la raza. Los resultados de esta evaluación aportarán información valiosa sobre la fiabilidad y precisión del panel genético utilizado con el fin de diferenciar las razas dentro de las razas caninas de baleares.

Materiales y Métodos

Perfiles genéticos de razas caninas baleares: información sobre marcadores de microsatélites

Los estudios e informes realizados por el Laboratorio de Genética Molecular del grupo AGR218 de la Universidad de Córdoba [3] se utilizaron para resumir la información relativa a los paneles de marcadores microsatélites utilizados para evaluar la diversidad genética en razas caninas. Este conjunto de microsatélites está recomendado por la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG). En la Tabla 1 se presenta la información del

conjunto de microsatélites utilizados para las cinco razas autóctonas y la agrupación racial del Archipiélago Balear.

Prueba unidimensional de la igualdad de los medios de las clases:

Se realizó una prueba unidimensional de igualdad de medias para evaluar si existían diferencias significativas en las medias de un conjunto de marcadores microsatélites específicos entre distintas razas —Ca de Bestiar (CB), Ca de Bou (CBOU), Podenco Ibicenco (PI), Ca Rater (CR), Ca Mè (CM) y Ca de Conills (CC)—. Prueba unidimensional de igualdad de medias dentro del paquete ANOVA del menú de datos de modelado de XLSTAT versión 2014.5.03.

Resultados

En la Tabla 1 se presenta un resumen de la información sobre los marcadores de microsatélites disponibles en las razas caninas de baleares y la agrupación racial.

En la Tabla 2 se presentan los resultados de la prueba unidimensional de igualdad de medidas. La tabla presenta los resultados de un análisis de marcadores microsatélites, con valores de lambda (λ), estadístico F (F) y valores de ranking para cada marcador. El primer grupo de marcadores, incluidos AHT137, AHTh130 y otros, demuestra valores consistentes [9] de los estadísticos Lambda y F de 0,9664 y 0,9183, respectivamente, lo que da como resultado un ranking de 1. Esto sugiere un alto grado de similitud o uniformidad en estos marcadores. En el segundo grupo, marcadores como AHTK211 y ATH121 exhiben valores de Lambda ligeramente más altos 0,9735 y valores de estadística F más bajos 0,7174, lo que les otorga un ranking de 2. El tercer grupo, liderado por ATH121, 0669RD y otros exhiben valores ligeramente superiores de Lambda de 0.9768 y valores de estadísticos F más bajos 0.6277 lo que le proporciona un ranking de 3. El cuarto grupo, encabezado por el marcador

AHTK211 con un Lambda de 0.9794 muestra un incremento gradual en los valores de Lambda y una reducción gradual en los valores de F (0.5540) que los proporcionaron un valor de ranking de 4. El último grupo, caracterizado por marcadores como AHT137 y AHT130, muestra los valores más altos de Lambda (0,9853) y los valores más bajos del estadístico F (0,3947), lo que resulta en un ranking colectivo de 5. Esto sugiere que los valores más bajos de uniformidad son encontrados en los marcadores de este quinto grupo. Estos hallazgos sugieren posibles variaciones en los marcadores genéticos entre diferentes grupos, lo que proporciona información valiosa para los estudios de diversidad genética.

Tabla 1. Marcadores de microsatélites: resumen de la información de las razas caninas de baleares y la agrupación racial.

Raza/Agrupación racial	Microsatélites	Alelos (Promedio)	Rango alélico	Heterocigosidad más alta	Heterocigosidad más baja	Rango de heterocigosidad observada	Informatividad del PIC	Desviaciones de HWE	Diferenciación Genética Intrarracial (FIS)	Observaciones
Ca de Bestiar (CB)	21	7.05	4 a 11	AHTh130 (0.855)	FH2848 (0.559)	0.563 a 0.915	Todos los marcadores son altamente informativos, excepto REN247M23 (moderado, PIC = 0,481)	5 marcadores	FIS promedio = 0.021	Alta diversidad genética
Ca de Bou (CBOU)	21	5.05	2.5 a 10	CXX279 (0.797)	REN162C04 (0.091)	0.0094 a 0.810	Todos los marcadores son altamente informativos, excepto AHTh253, INU030, REN247M23 y REN54P11	-	FIS promedio = 0.081	Baja diversidad genética
Podenco Ibicenco (PI)	21	5.75	4 a 11	AHTh260 (0.829)	FH2848 (0.348)	0.177 a 0.864	Todos los marcadores son altamente informativos, excepto FH2848 y REN54P11	-	FIS promedio = 0.200	Diversidad genética moderada
Ca Rater (CR)	33	6.61	2 a 15	0669RD (0.866)	1055RD (0.255)	0.161 a 0.964	Todos los marcadores son altamente informativos, excepto INU055	Cuatro marcadores	FIS promedio = 0.044	Diversidad genética moderada
Ca Mè (CM)	21	6.5	4 a 11	AHTh171 (0.859)	INU030 (0.428)	0.372 a 0.824	Todos los marcadores son altamente informativos, excepto INU005 e INU030		FIS promedio = 0.038	Diversidad genética moderada
Ca de Conills (CC)	21	6.60	4 a 10	AHTh121 (0.857)	REN247M23 (0.477)	0.415 a 0.806	Todos los marcadores son altamente informativos, excepto REN247M23	Diez marcadores	FIS promedio = 0.048	Diversidad genética moderada

Tabla 2. Resumen de los resultados de la prueba unidimensional de igualdad de medias para los marcadores microsatélites utilizados para evaluar la diversidad genética en razas caninas.

Marcador microsatélite	Lambda	F	Ranking
AHT137	0,9664	0,9183	1
AHTh130	0,9664	0,9183	1
AHTh171	0,9664	0,9183	1
AHTh260	0,9664	0,9183	1
FH2848	0,9664	0,9183	1
INRA21	0,9664	0,9183	1
INU030	0,9664	0,9183	1
INU005	0,9664	0,9183	1
ATH121	0,9664	0,9183	1
FH2054	0,9664	0,9183	1
INU055	0,9664	0,9183	1
AHTK253	0,9664	0,9183	1
REN54P11	0,9664	0,9183	1
REN64E19	0,9664	0,9183	1
CXX279	0,9664	0,9183	1
REN105L03	0,9664	0,9183	1
REN162C04	0,9664	0,9183	1
REN169D01	0,9664	0,9183	1
REN169O18	0,9664	0,9183	1
REN247M23	0,9664	0,9183	1
AHTK211	0,9735	0,7174	2
ATH121	0,9735	0,7174	2
AHT121	0,9768	0,6277	3
0669RD	0,9768	0,6277	3
0123RD	0,9768	0,6277	3
0176RD	0,9768	0,6277	3
0323RD	0,9768	0,6277	3

Marcador microsatélite	Lambda	F	Ranking
0914RD	0,9768	0,6277	3
0959RD	0,9768	0,6277	3
1055RD	0,9768	0,6277	3
1257RD	0,9768	0,6277	3
1404RD	0,9768	0,6277	3
1878RD	0,9768	0,6277	3
2469RD	0,9768	0,6277	3
2642RD	0,9768	0,6277	3
AHTK211	0,9794	0,5540	4
AHT137	0,9853	0,3947	5
AHTh130	0,9853	0,3947	5
AHTh171	0,9853	0,3947	5
AHTh260	0,9853	0,3947	5
FH2848	0,9853	0,3947	5
INRA21	0,9853	0,3947	5
INU030	0,9853	0,3947	5
FH2054	0,9853	0,3947	5
INU005	0,9853	0,3947	5
INU055	0,9853	0,3947	5
REN54P11	0,9853	0,3947	5

Discusión

Los valores consistentes de Lambda (λ) y del estadístico F (F) en el primer grupo de marcadores sugieren un perfil genético uniforme entre razas como el CB. El ranking superior de 1 indica que estos marcadores pueden considerarse homogéneos en esta raza [10], lo que ofrece un conjunto potencial de marcadores estables para la caracterización genética. Esta homogeneidad es particularmente valiosa cuando se pretende evaluar la alta diversidad

genética dentro de la raza CB [11]. La baja diferenciación genética intraracial (FIS) de 0,021 sugiere una desviación mínima del equilibrio de Hardy-Weinberg (HWE), lo que respalda aún más la fiabilidad de estos marcadores para los estudios genéticos [12].

Pasando al segundo grupo, los marcadores como AHTK211 y ATH121 exhiben valores de Lambda ligeramente más altos y valores de estadístico F más bajos, lo que da como resultado un ranking de 2. Estos marcadores pueden servir como indicadores de variabilidad dentro de razas como el CBOU, caracterizada por una baja diversidad genética [13]. La desviación de HWE (FIS promedio = 0.081) en esta raza enfatiza la importancia de seleccionar marcadores informativos que capturen características genéticas específicas, especialmente cuando se trata de poblaciones que muestran menor diversidad.

El tercer y cuarto grupo, que muestran una disminución gradual de los valores de Lambda y de los estadísticos F, pueden ser adecuados para razas como el CR, CM y el CC. Estas razas exhiben una diversidad genética moderada y los marcadores informativos identificados pueden ser fundamentales para comprender la estructura genética subyacente. Los valores medios de FIS de 0,038 y 0,048 para el CM y CC, respectivamente, sugieren un nivel moderado de diferenciación genética intraracial.

El último grupo, con los valores más altos de Lambda y los valores más bajos del estadístico F, se asocia a razas como el PI, donde se observa una diversidad genética moderada. Los marcadores de este grupo pueden desempeñar un papel crucial en la captura de las variaciones genéticas únicas dentro de esta raza, como lo indica el rango de heterocigosidad observado (0,177 a 0,864) y el FIS promedio de 0,200 [14].

La combinación de la información de ambas tablas (Tablas 1 y 2) revela información sobre la selección de marcadores para un panel completo para evaluar la diversidad genética en las razas de perros. En el análisis de marcadores de microsatélites, el primer grupo de marcadores, incluidos AHT137, AHT130 y otros, demostraron consistentemente valores de Lambda y F-statistic, lo que los convierte en candidatos prometedores para su inclusión en un panel de diversidad genética [15]. Estos marcadores, con un ranking de 1, indican un alto grado de uniformidad y similitud entre razas como el CB. Por el contrario, los marcadores del segundo grupo, como AHTK211 y ATH121, exhibieron valores de Lambda ligeramente más altos y valores de estadístico F más bajos, lo que les valió un ranking de 2.

Estos marcadores pueden capturar variaciones sutiles dentro de razas como CBOU, enfatizando la necesidad de su inclusión en un panel diseñado para razas con menor diversidad genética [16]. Sin embargo, se debe tener precaución al considerar los marcadores del tercer y cuarto grupo, caracterizados por una disminución gradual en los valores de los estadísticos Lambda y F, así como los valores más altos de Lambda y los valores más bajos del estadístico F. Si bien estos marcadores pueden ser menos informativos para evaluar la diversidad genética, aún podrían ofrecer información sobre las características específicas de la raza. La cuidadosa selección y combinación de marcadores de diferentes grupos contribuiría a la creación de un panel personalizado [17], asegurando una evaluación matizada de la diversidad genética en varias razas de perros.

Conclusiones

En conclusión, el análisis de marcadores de microsatélites proporciona una comprensión matizada de la diversidad genética en diferentes razas. La adaptación de los paneles en función de las características específicas de cada raza permite realizar estudios genéticos más precisos y específicos, lo que proporciona información valiosa para los programas de gestión, conservación y selección de razas. La información derivada de estos análisis contribuye significativamente al campo de la genética animal y ayuda a tomar decisiones informadas para la gestión sostenible de diversas razas.

Financiación

La presente investigación se llevó a cabo durante el periodo de cobertura de un Contrato Postdoctoral Ramón y Cajal con la referencia MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea "NextGenerationEU"/PRTR.

Reconocimientos

Los autores expresan su sincero agradecimiento a la Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc

d'Eivissa i Formentera, Club Es-panyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí y Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya por su inestimable apoyo y colaboración en la publicación de los conocimientos y datos esenciales que finalmente se utilizaron para este estudio. El compromiso y dedicación de estas organizaciones a la preservación y promoción de las razas caninas en las Islas Baleares han enriquecido significativamente la investigación, permitiendo su comprensión integral y permitiendo la evaluación de la dinámica genética y los patrones evolutivos de las razas y grupos de razas presentes en el archipiélago. Su experiencia y contribuciones han sido fundamentales para avanzar en nuestro conocimiento de las poblaciones de razas, lo que refleja su profundo compromiso con la conservación y el bienestar de estas razas caninas únicas.

Referencias

1. González, E.G. Microsatélites: sus aplicaciones en la conservación de la biodiversidad. *Graellsia* **2003**, *59*, 377-388.
2. Martínez, A.; Vega, J.L.; Delgado, J.V. Caracterización genética de razas de caza: casos aplicados a Mallorca. *Recerca i gestió dins l'àmbit cinegètic. Mon. Soc. Hist. Nat. Balears* **2019**, *28*, 115-117.
3. Aguilera, L.; Canales, A.; Pons, A.; Delgado, J.; Martínez, A. Caracterización genética del Ca Rater Mallorquí con microsatélites. *Archivos de zootecnia* **2022**, *71*, 270-276.
4. Piqueras, J.F. Polimorfismos en el ADN humano. In Proceedings of the Análisis y metodologías en diagnóstico y terapia génica: I reunión científica en biología celular y molecular, La Coruña, 1993; pp. 9-25.
5. Levene, H. On a matching problem arising in genetics. *The annals of mathematical statistics* **1949**, 91-94.
6. Raymond, M. Population genetics software for exact test and ecumenicism. *J Heredity* **1995**, *86*, 248-249.
7. Serrote, C.M.L.; Reiniger, L.R.S.; Silva, K.B.; dos Santos Rabaioli, S.M.; Stefanel, C.M. Determining the Polymorphism Information Content of a molecular marker. *Gene* **2020**, *726*, 144175.
8. García, L.S.A.; Vergara, A.M.C.; Herrera, P.Z.; Puente, J.M.A.; Barro, Á.L.P.; Dunner, S.; Marques, C.S.J.; Bermejo, J.V.D.; Martínez, A.M. Genetic Structure of the Ca Rater Mallorquí Dog Breed Inferred by Microsatellite Markers. *Animals* **2022**, *12*, 2733.
9. Goleman, M.; Balicki, I.; Radko, A.; Jakubczak, A.; Fornal, A. Genetic diversity of the Polish Hunting Dog population based on pedigree analyses and molecular studies. *Livestock Science* **2019**, *229*, 114-117.
10. Kardos, M.; Taylor, H.R.; Ellegren, H.; Luikart, G.; Allendorf, F.W. Genomics advances the study of inbreeding depression in the wild. *Evolutionary applications* **2016**, *9*, 1205-1218.

11. Méndez, S.; Dunner, S.; García, J.; de Argüello, S.; Crespo, M.; Chomón, N.; Calderón, L.; Sañudo, B.; Cañón, J. Caracterización del perro de agua del cantábrico. *Archivos de zootecnia* **2011**, *60*, 405-408.
12. Garrido, J.; Capote, C.B.; Morera, L.; de Andrés Cara, D.F.; Barbancho, M. Detección de variabilidad genética por microsatélites en el alano español. *Archivos de zootecnia* **1999**, *48*, 63-70.
13. Hauser, S.S.; Athrey, G.; Leberg, P.L. Waste not, want not: Microsatellites remain an economical and informative technology for conservation genetics. *Ecology and Evolution* **2021**, *11*, 15800-15814.
14. Koskinen, M.; Bredbacka, P. Assessment of the population structure of five Finnish dog breeds with microsatellites. *Animal genetics* **2000**, *31*, 310-317.
15. Scientific; Haeringen, F. 'Applied Genetics in Companion Animals', . **2019**.
16. Sams, A.J.; Ford, B.; Gardner, A.; Boyko, A.R. Examination of the efficacy of small genetic panels in genomic conservation of companion animal populations. *Evolutionary Applications* **2020**, *13*, 2555-2565.
17. Radko, A.; Rubiś, D.; Szumiec, A. Analysis of microsatellite DNA polymorphism in the Tatra Shepherd Dog. *Journal of Applied Animal Research* **2018**, *46*, 254-256.

**CAPÍTULO 5. ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA
Y ESTRUCTURA DE LA POBLACIÓN EN BASE A LA
INFORMACIÓN DEL PEDIGRÍ Y SINERGIAS CON OTRAS
HERRAMIENTAS MOLECULARES EN RAZAS CANINAS
DE BALEARES**

5.1 Mejora de la evaluación de la diversidad genética en razas caninas autóctonas en peligro de extinción de las Islas Baleares: Una sinergia de estudios moleculares y de pedigrí

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza ², María del Amparo Martínez Martínez ³, Juan Vicente Delgado Bermejo ³ y Francisco Javier Navas González ^{3*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural Govern Illes Balears, 07009 Palma, España.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, España.

³ Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.

Información sobre el indicador de calidad de la publicación

*Información más reciente disponible (2022)

Estado del manuscrito: Enviado

Revista (año, volumen, páginas): Animals

Base de datos internacional en la que está indexada: Journal of Citation Reports (JCR)

Área temática en la base de datos de referencia: Ciencias Veterinarias

Índice de impacto de la revista en el año de publicación del artículo: 3

Clasificación/número de revistas en el área temática: 13/143 (Q1)

Resumen

Este estudio evalúa exhaustivamente la diversidad genética de las cinco razas caninas autóctonas oficialmente reconocidas y de una agrupación racial: Ca de Bestiar (CB), Ca de Bou (CBOU), Ca de Rater (CR), Podenco Ibicenco (PI), Ca Mè (CM) y Ca de Conills (CC) de las Islas Baleares mediante análisis moleculares y genealógicos. Las herramientas moleculares y de pedigrí se sinergizan para la evaluación de la diversidad genética superando los desafíos relativos a la precisión en poblaciones amenazadas pequeñas y con datos genealógicos limitados, lo cual impide la estimación genómica de las frecuencias alélicas. Las tendencias de nacimientos de principios de la década de 2000 revelan picos y disminuciones posteriores, mientras que el índice de integridad del pedigrí varía según las generaciones. Los estimadores genealógicos y el análisis de fundadores revelan coeficientes y relaciones de consanguinidad, con el CM exhibiendo una mayor integridad de pedigrí y una menor consanguinidad en comparación con el CB y el CR. El análisis molecular explora la variabilidad y las relaciones en el CB y el PI, identificando loci polimórficos y observando un mayor polimorfismo en las proteínas estructurales plasmáticas. Las probabilidades de exclusión de paternidad varían según los loci y las razas. La discusión vincula las tendencias de nacimiento con el reconocimiento de la raza, sugiriendo influencias de la funcionalidad de la raza en la precisión de los datos genealógicos. El estudio subraya la importancia de las consideraciones específicas de las razas en las evaluaciones de la diversidad genética, revelando las diferencias entre las razas y proporcionando información sobre sus patrones evolutivos. Las correlaciones entre la propiedad, la cría y los datos de registro exponen dinámicas complejas, lo que impulsa una mayor investigación para una gestión eficaz del registro.

Palabras claves

Evolución; Integridad de Pedigrí; Coeficientes de consanguinidad; Evaluaciones Genéticas Moleculares; Exclusión de paternidad.

Introducción

El reconocimiento de cinco razas caninas distintas en las Islas Baleares: Ca de Bestiar (CB), Ca de Bou (CBOU), Podenco Ibicenco (PI), Ca Rater mallorquín (CR) y Ca Mè (CM), tiene un significado histórico, reconocidas oficialmente entre 2001 [1] y 2004 [2]. Cabe destacar que el año 2007 se realizó el reconocimiento formal de una agrupación racial dentro de la familia canina conocida como Ca de Conills de Menorca (CC), lo que significa un compromiso continuo con la preservación de la rica diversidad de razas caninas de la región. Según la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) y su Sistema de Información sobre la Diversidad de los Animales Domésticos (DAD-IS), estas cinco razas oficialmente reconocidas se clasifican como autóctonas, cada una de las cuales posee una designación geográfica local única, mientras que su estado de riesgo sigue estando categorizado como desconocido.

La transformación en los roles funcionales de las razas de perros en los últimos años es una narrativa convincente. Una vez considerados principalmente como animales de trabajo indispensables, cada raza se adaptó a tareas específicas como cazar, pastorear, vigilar o incluso participar en peleas, pero han experimentado un cambio de paradigma para convertirse en queridos compañeros o mascotas. Esta transición no solo ha redefinido el propósito de estas razas, sino que también ha ejercido una profunda influencia en las prácticas de cría. El énfasis se ha desplazado de las consideraciones utilitarias, como la mejora de la funcionalidad, a un enfoque en los aspectos estéticos de los animales, que abarcan la belleza general, las características específicas como el color y el tamaño del pelaje, y la popularidad de los especímenes individuales. En los trabajos académicos de investigadores como Pedersen, et al. [3], existe un consenso de que la importancia de la funcionalidad como fuerza impulsora de la diversidad genética puede haber sido eclipsada por consideraciones más populistas, particularmente aquellas relacionadas con la conformación morfológica.

En este contexto, una comprensión meticulosa de la información genética encapsulada en los pedigríes de las poblaciones amenazadas se ha vuelto primordial. Esto incluye la evaluación del estado de la diversidad genética, la comprensión de la estructura de la población, la caracterización de la variabilidad genética a través de técnicas moleculares

avanzadas y la evaluación crítica de la eficacia de las prácticas de conservación y mejora. Estos esfuerzos representan herramientas indispensables en el arsenal para desarrollar programas integrales de conservación adaptados a las necesidades únicas de estas razas de perros regionales.

Las estrategias basadas en el pedigrí surgen como alternativas rentables para las evaluaciones rutinarias de la diversidad genética, la demografía de la población y la viabilidad. Su eficacia gira en torno al mantenimiento de un estricto control sobre la información genealógica, que se remonta al establecimiento de poblaciones base fundadoras. Sin embargo, surgen desafíos, que van desde la precisión y eficacia de las herramientas empleadas, la integridad del pedigrí hasta la meticulosidad de los operadores involucrados en la recopilación y el registro de datos. Las estimaciones derivadas de análisis de pedigrí menos robustos, caracterizados por baja profundidad, falta de información, errores y relaciones desconocidas con los fundadores, pueden fortalecerse incorporando estimaciones empíricas de parentesco derivadas de marcadores genéticos como microsatélites o SNP. Esto subraya la necesidad perpetua de mejorar la robustez del pedigrí, refinando así la precisión de los parámetros genéticos.

Las limitaciones presupuestarias plantean un reto tangible, que a menudo impide la aplicación sistemática de herramientas genómicas. Estas limitaciones pueden limitar la utilidad de estas herramientas a pequeñas poblaciones amenazadas con antecedentes genealógicos limitados o inexistentes, donde la proporción de loci polimórficos suele ser escasa. La consecuencia de esto podría ser una comprensión incompleta de las frecuencias alélicas en la población histórica, lo que podría sesgar las inferencias de endogamia debido a los impactos de la deriva genética. En respuesta, las técnicas moleculares, deben ser complementadas por la información encontrada en los pedigrís, debido a su incapacidad de distinguir entre probabilidades de identidad por descendencia (IBD) e identidad por estado (IBS), lo que se vuelve más relevante en poblaciones de pequeño tamaño y amenazadas.

Esta exploración exhaustiva pretende consolidar los principales estudios que han evaluado meticulosamente la diversidad genética de las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares. Subraya la importancia de preservar las características únicas de estas razas, adaptar

las estrategias de conservación a los roles cambiantes de estos animales y navegar por la compleja interacción entre la genética, las prácticas de cría y las preferencias sociales.

Materiales y Métodos

Evaluación genética a través de estudios de pedigrí

En los estudios genealógicos realizados en CB y CR [4] y CM [5] se utilizaron registros proporcionados por sus respectivas asociaciones o clubes. El análisis de la información genealógica y la evaluación de la diversidad genética se llevaron a cabo utilizando referencias históricas de pedigrí y las poblaciones vivas en ese momento para cada raza. La diversidad y los parámetros demográficos se evaluaron utilizando el software ENDOG (v4.8) [6] y el software CFC [7] en todos los conjuntos de datos. Para CM, también se evaluó el impacto de diferentes patrones de pelaje, patrones de manchas y marcas de puntos de fuego. Estos estudios genealógicos se dividieron en las siguientes fases:

Análisis de Información Genealógica

El Índice de Completitud de Pedigrí (PCI) se evaluó a través de un seguimiento de las generaciones máximas, completas y equivalentes [8]. El estudio de la información genealógica implicó calcular el porcentaje de individuos conocidos de la primera a la quinta generación (de padres a tatarabuelos). Se calcularon los intervalos generacionales [9] y la edad media de los padres en el momento de la procreación (ya sea que se utilicen para la reproducción o no) para cada una de las cuatro vías de apareamiento: padre a hijo, padre a hija, madre a hijo y madre a hija.

Diversidad genética

La diversidad genética se evaluó mediante los siguientes parámetros:

Estimadores Genealógicos de Identidad por Descendencia (IBD)

El coeficiente de endogamia individual (F) se calculó como Luo [10], la relación promedio (ΔR) de cada individuo calculada como Gutiérrez, et al. [11] y el coeficiente Coancestría (C) se calculó como Leroy, et al. [12]. La tasa individual de endogamia (ΔF) para la generación se calculó según lo sugerido por Gutiérrez, et al. [13]. La tasa individual de coancestría (ΔC) para la generación se calculó como lo sugirieron Cervantes, et al. [14]. Se evaluó la tasa de apareamiento selectivo o el grado de apareamiento no aleatorio como lo sugirió Solomon [15] para determinar la desviación de las tasas de apareamiento de las proporciones de Hardy-Weinberg a través de su relación con los coeficientes de consanguinidad, como lo sugiere Wright [16]. El GCI (Índice de Conservación Genética) se calculó de acuerdo con las descripciones de Oliveira, et al. [17].

Análisis de fundadores

El número efectivo de fundadores (f_e) y la diversidad genética (GD) se calculó como lo describe Lacy [18], mientras que el número efectivo de antepasados (f_a) necesarios para explicar la diversidad genética completa se calculó como describe Boichard, et al. [19], para tener en cuenta las pérdidas de variabilidad genética causadas por los cuellos de botella de la población como lo detalla Santana et al. [20]. El número efectivo de genomas fundadores (f_g) se calculó tal y como se define por Lacy [18] y Caballero et al. [21]. El número de subpoblaciones equivalentes se calculó como lo describe Cervantes, et al. [22].

Relaciones entre propietarios y criadores

La distancia genética mínima de Nei entre reproductores se calculó según lo descrito por Nei [23].

Evaluación Genética basada en Métodos Moleculares (Marcadores Genéticos)

Se han aplicado métodos de caracterización genética basados en marcadores bioquímicos en pruebas de identidad y control de parentesco. Ejemplos de ello son los estudios sobre variabilidad y relaciones genéticas basados en el análisis molecular de marcadores bioquímicos entre diferentes razas caninas españolas [24] y en el estudio de detección de pedigrís erróneos mediante polimorfismos bioquímicos en razas caninas españolas [25]. Las muestras, incluidas de las dos razas de baleares, CB (46) y PI (71), se recogieron con EDTA 2NA, y se analizaron 21 loci génicos mediante electroforesis horizontal en gel de almidón, poliacrilamida y geles de agarosa-poliacrilamida. Se analizaron cinco marcadores bioquímicos del sistema eritrocitario, cuatro marcadores del sistema leucocitario y doce marcadores del sistema plasmático. Se calcularon indicadores de polimorfismo como la tasa de Polimorfismo (P), la Heterocigosidad (H) y la tasa de Alelismo (n_a). Se calcularon las frecuencias genotípicas esperadas según Levene [26] Además, se calculó el índice de fijación de Wright [16] para cada locus polimórfico. Para el cálculo de todos los valores estadísticos y de frecuencia génica se utilizó el programa BIOSYS-1 [27] Se calculó la probabilidad promedio de excluir la paternidad putativa de un macho a través de un único sistema compuesto por dos alelos codominantes según lo definido por Wiener, et al. [28].

Resultados

Evaluación genética a través de estudios de pedigrí

Estudios genealógicos, según lo reportado por Alanzor Puente, et al. [4] para las razas CB y CR, y por Navas, et al. [5] para CM, se han llevado a cabo.

Tabla 1. Resumen de los parámetros demográficos y de análisis de descendencia en Ca de Rater (CR), Ca de Bestiar (CB) y Ca Mè (CM) conjuntos de población históricos y actuales.

Conjunto de población	Ca de Bestiar (CB)		Ca de Rater (CR)		Ca Mè (CM)	
	Histórico	Actual	Histórico	Actual	Histórico	Actual
Tamaño de la población	385	307	1810	1468	660	397
Número máximo de generaciones trazadas, n	7	7	8	8	14	5
Nivel de completitud de pedigrí en la 1ª generación, (Padres conocidos)	48.96	50.33	77.71	84.88	95	95
Nivel de completitud de pedigrí en la 2ª generación, (Abuelos conocidos)	23.05	25.98	41.56	50.80	89.66	94.97
Nivel de completitud de pedigrí en la 3ª generación, (Bisabuelos conocidos)	10.13	12.22	17.54	17.54	79.91	87.41
Nivel de completitud de pedigrí en la 4ª generación, (Tatarabuelos conocidos)	4.09	5.13	7.45	8.86	66.15	75.52
Nivel de completitud de pedigrí en la 5ª generación, (Tatarabuelos conocidos)	1.43	1.79	2.46	2.87	41.78	47.67
Número máximo de generaciones (media±SD)	1.72±2.22	1.96±2.22	2.35±2.09	2.77±2.09	6.34±2.49	7.01±2.49
Número de generaciones completas (media±SD)	1.04±0.62	0.57±0.62	1.04±0.79	1.18±0.79	2.55±1.04	2.75±1.04
Número de generaciones equivalentes (media±SD)	0.89±0.99	0.97±0.99	1.50±1.09	1.74±1.09	4.00±1.45	4.40±1.45

El resto de las razas no fueron incluidas, ya que no se ha realizado ningún análisis de diversidad genética basado en información de pedigrí

Análisis de la información genealógica

En las tres poblaciones de perros estudiadas, los picos de nacimiento ocurrieron a principios de la década de 2000 y, a partir de ahí, los registros de nacimiento han ido disminuyendo. El mayor número de nacimientos fue de 163 en 2007 para CR, 77 en 2005 para CM y 37 en 2009 para CB. El número histórico de generaciones completas fue de $1,04 \pm 0,62$, $1,04 \pm 0,79$ y $2,55 \pm 1,04$ para CB, CR y CM, respectivamente. El número histórico de generaciones equivalentes fue de $0,89 \pm 0,99$, $1,50 \pm 1,09$ y $4,00 \pm 1,45$ para CB, CR y CM, respectivamente. El índice de integridad del pedigrí experimentó un aumento promedio por generación de 1.558%, 3.646% y 8.714% al comparar las poblaciones históricas y de referencia para CB, CR y CM, respectivamente. El índice máximo de integridad de pedigrí para la quinta generación de la población histórica para todas las razas fue reportado por CM con un valor de 41.78. El índice máximo de completitud para la primera generación de la población de referencia fue de 95,00, 84,88 y 50,33 para CM, CR y CB, respectivamente. En la Tabla 1 se presenta un resumen de los resultados de los parámetros relacionados con el índice de integridad genealógica entre poblaciones históricas y de referencia.

Diversidad genética

Estimadores genealógicos de identidad por descendencia (IBD)

Los coeficientes de consanguinidad para las poblaciones históricas y de referencia fueron de 0,27% y 0,34%, 1,15% y 1,41%, y 10,09% y 11,23% para CB, CR y CM, respectivamente. A pesar de estos coeficientes relativamente bajos, se registraron animales altamente endogámicos en poblaciones históricas y de referencia. El porcentaje máximo de consanguinidad reportado fue de 13.38%, 26.41% y 37.50% para CB, CR y CM, respectivamente. El porcentaje de animales consanguíneos fue de 5,86%, 17,17% y 79,60% en la población de referencia para CB, CR y CM, respectivamente. La tasa de apareamiento no aleatorio fue de -0,01 y -0,01, 0,00 y 0,00, y 0,01 y 0,02 para las poblaciones histórica y de referencia de CB, CR y CM, respectivamente. El porcentaje promedio de coancestría en

las poblaciones histórica y de referencia fue de 0,86% y 0,86%, 1,34% y 1,41%, y 8,79% y 9,35% para CB, CR y CM, respectivamente. En la Tabla 2 se presenta un resumen de los resultados de los parámetros de los estimadores genealógicos de identidad por descendencia para poblaciones históricas y de referencia.

Tabla 2. Resumen de los estimadores de identidad por descendencia, la tasa de apareamiento no aleatorio (α) y el índice de conservación genética (GCI)

Parámetro	Conjunto de población		Ca de Bestiar		Ca Rater		Ca Mè	
	Histórico (n=385)	Actual (n=307)	Histórico (n=1810)	Actual (n=1468)	Histórico (n=660)	Actual (n=397)		
Consanguinidad (F %)	0.27	0.34	1.15	1.41	10.09	11.23		
Aumento individual medio de la consanguinidad (ΔF %)	0.13	0.16	0.92	1.13	3.36	3.44		
Coefficiente máximo de consanguinidad (%)	13.38	13.38	26.41	26.41	37.50	36.28		
Animales consanguíneos (%)	4.68	5.86	13.98	17.17	72.88	79.60		
Animales altamente endogámicos (%)	1.30	1.63	3.70	4.77	16.51	32.24		
Ascendencia media (C %)	0.86	0.86	1.34	1.41	8.79	9.35		
Parentesco medio (ΔR %)	1.73	1.73	2.49	2.83	17.60	18.71		
Tasa de apareamiento no aleatoria (α)	-0.01	-0.01	0.00	0.00	0.01	0.02		
Índice de conservación genética (GCI)	2.00	2.10	2.98	2.98	6.54	7.04		

Análisis de fundadores: CB, CR y CM

El índice máximo de conservación genética se reportó en la población de referencia con valores de 2,10, 2,98 y 7,04 para CB, CR y CM, respectivamente. La diversidad genética fue de 99%, 99% y 96,5% en la población de referencia para CB, CR y CM, respectivamente. La pérdida de diversidad genética por deriva genética fue de 0%, 0% y 2%

en las poblaciones de CB, CR y CM, respectivamente. Se reportó un valor de 1%, 1% y 3,5% para la pérdida de diversidad genética atribuida a los cuellos de botella y a la deriva genética para las poblaciones de referencia de CB, CR y CM, respectivamente. El coeficiente promedio de parentesco fue de 1,73%, 24,09% y 19,00% en la población de referencia para CB, CR y CM, respectivamente. Los resultados para el análisis de las probabilidades de origen genético, las contribuciones ancestrales y la pérdida de diversidad genética se muestran en la Tabla 3. En la Tabla 4 se presentan los resultados de los tamaños efectivos calculados a través de la tasa de consanguinidad individual y la tasa de ascendencia individual. El tamaño efectivo de la población calculado a través de la tasa de consanguinidad individual fue de 384,62, 54,35 y 14,23 en las poblaciones históricas de CB, CR y CM, respectivamente. El tamaño efectivo de la población a través de la tasa de coancestía para las poblaciones históricas fue de 28,90, 20,08 y 16,53 para CB, CR y CM, respectivamente.

Tabla 3. Resumen de las medidas de diversidad genética y análisis de las probabilidades de origen genético.

Parámetro	Referencia		
	Ca de Bestiar (CB)	Ca de Rater (CR)	Ca Mè (CM)
Población histórica	385	1810	660
Población actual	307	1468	397
Número de fundadores, n	53	146	32
Número efectivo de no fundadores [29]	171,99	102,51	27,96
Número de fundadores equivalentes (fe)	87,32	66,08	29,09
Número efectivo de antepasados (fa)	26	36	10
Equivalentes del genoma fundador (fg)	57,92	40,18	14,26
fa/fe ratio	0,30	0,55	0,34
fg/fe ratio	0,66	0,61	0,49
Diversidad genética, GD	99	99	96,5
Pérdida de Diversidad genética, GDL	1	1	3,5
Parentesco medio (ΔR)	0.02	0.25	0.19

Relaciones entre propietarios y criadores

El número de subpoblaciones equivalentes para todos los grupos poblacionales fue de 0,075, 0,370 y 1,162 para CB, CR y CM, respectivamente (Tabla 4). El análisis de la estructura poblacional a través de la estadística F de Wright reportó el coeficiente de consanguinidad de un individuo con respecto a la población total (FIT) como -0,006, -0,001 y 0,01 para todas las poblaciones y criterios considerados en CB, CR y CM, respectivamente. El coeficiente de consanguinidad de un individuo con respecto a la subpoblación (FIS) varió de -0,390 para las subpoblaciones CB cuando se siguieron los criterios de los propietarios, -0,023 para las subpoblaciones de CR cuando se consideraron los criterios de ubicación de los propietarios, y -0,07 para las subpoblaciones de CM cuando se siguieron los criterios de los criadores. El valor máximo de la correlación entre gametos aleatorios extraídos de la subpoblación con respecto a la población total (FST), que representa el efecto de las subpoblaciones en comparación con la población total, alcanzó un valor de 0,08 para el propietario en CM, 0,021 para la ubicación del propietario en CR y 0,276 para el propietario en CB. El análisis de la estructura de propietarios y criadores reveló que ninguno de ellos podía considerarse el núcleo de la población, y ninguno de ellos puede considerarse completamente aislado.

Tabla 4. Los resultados estadísticos para el tamaño efectivo de la población se calculan sobre la base de la tasa de consanguinidad individual, la tasa de ascendencia individual y el número de subpoblaciones equivalentes.

Parámetro	Ca de Bestiar (CB n=385)	Ca de Rater (CR n=1810)	Ca Mè (CM n=660)
Tamaño efectivo de la población basado en la tasa de consanguinidad individual	384,62	54,35	14,23
Tamaño efectivo de la población basado en la tasa de ascendencia individual	28,90	20,08	16,53
Número de subpoblaciones equivalentes	0,075	0,370	1,162

Evaluación Genética basada en Métodos Moleculares (Marcadores Genéticos)

Estudios sobre variabilidad y relaciones genéticas entre poblaciones (10 razas caninas españolas) basados en marcadores bioquímicos se han llevado a cabo, entre ellas estaba el CB y el PI, reportados por Jordana Vidal, et al. [24] y Jordana et al. [25].

Niveles de variabilidad genética

De los 21 loci genéticos analizados, se detectaron 38 electromorfos y utilizando un criterio de polimorfismo del 95%, diez resultaron ser monomórficos para todas las poblaciones estudiadas. Las frecuencias génicas para cada locus polimórfico en CB y PI se muestran en la Tabla 5, con una distribución electroforética que varía de dos a cinco electromorfos.

La presentación alélica fue similar en las razas estudiadas. Se observó una nueva variante electroforética en el sistema Leucina Aminopeptidasa (Lap) en la población del PI, y una alta incidencia del alelo Pa-1F en el sistema Prealbúmina-1 (Pa-1) en la población del CB, con una frecuencia de 0,865. Las proteínas estructurales plasmáticas estudiadas, que representan el 47,62% de los 21 loci analizados, mostraron un mayor nivel de polimorfismo que los sistemas enzimáticos analizados, explicando el 83,33% del polimorfismo total en las poblaciones estudiadas. Utilizando una sola técnica, la electroforesis bidimensional en gel de agarosa-poliacrilamida, se visualizan cinco de los once sistemas polimórficos, explicando el 58,10% del polimorfismo total, lo cual es importante en la aplicación práctica del polimorfismo bioquímico en la identificación y el control de parentesco. En la Tabla 6 se muestran los niveles de variabilidad encontrados en el CB y PI.

Table 5. Valores de las frecuencias génicas obtenidas para cada uno de los loci polimórficos en Ca de Bestiar y Podenco Ibicenco.

Locus	Alelo	Ca de Bestiar (CB)	Podenco Ibicenco (PI)
Sod	A	0.967	0.993
	B	0.033	0.007
Lap	A	1.000	0.930
	B	0.000	0.021
	C	0.000	0.049
MPI	A	0.817	0.937
	B	0.183	0.063
Alb	S	0.848	0.529
	F	0.152	0.471
Pep-D	A	0.870	0.958
	B	0.130	0.042
Tf	A	0.000	0.029
	B	0.272	0.257
	C	0.728	0.714
	D	0.000	0.000
	E	0.000	0.000
α_1 -B	S	0.348	0.796
	F	0.652	0.204
	S	0.097	0.585
Pi-1	I	0.033	0.019
	F	0.870	0.366
	S	0.054	0.022
Prt-1	F	0.402	0.630
	D	0.544	0.348
Prt-2	S	0.000	0.007
	F	1.000	0.993
Pa-1	S	0.135	0.675
	F	0.865	0.325

La tasa de polimorfismo fue del 38,1% para CB y PI, con un promedio para las 10 razas estudiadas del 39,06% y del 42,90% en la población general. El número de alelos por

locus (na) fue de $1,5 \pm 0,1$ y $1,7 \pm 0,2$ para CB y PI, respectivamente. La heterocigosidad media observada por individuo (H_o) fue de $0,117 \pm 0,037$ y $0,146 \pm 0,045$ para CB y PI, respectivamente, con un promedio de $14,42\% \pm 1,74\%$ y un valor de $14,40\% \pm 4,0\%$ en la población combinada.

Tabla 6. Niveles de variabilidad genética en Ca de Bestiar (CB) y Podenco Ibicenco (PI) (\pm Error estándar entre paréntesis).

Población	Individuos analizados por locus	Número de alelos por locus	% de loci polimórficos (criterio del 95%)	Heterocigosidad	
				Observada	Esperada
Ca de Bestiar (CB)	45.3	1.5	38.1	0.117	0.130
	(0.5)	(0.1)		(0.037)	(0.039)
Podenco Ibicenco (PI)	68.8	1.7	38.1	0.146	0.146
	(1.5)	(0.2)		(0.045)	(0.045)

Estructura genética de las poblaciones.

En la Tabla 7 se muestran los valores del índice de fijación [30] que mide el exceso o déficit de heterocigotos en la población analizada.

Tabla 7. Valores obtenidos del índice de fijación de Wright (F) en Ca de Bestiar (CB) y Podenco Ibicenco (PI).

Raza	F
Ca de Bestiar (CB)	0.1000
Podenco Ibicenco (PI)	0.0000

El valor del índice de fijación de Wright fue de 0,1000 y 0,000 para CB y PI, respectivamente. Tomando el valor promedio del índice de fijación de Wright y considerando todos los loci juntos, Jordana Vidal, et al. [24] no puede asegurar que estas poblaciones estén en desequilibrio genético para las proporciones de Hardy-Weinberg. Si este índice se calcula para cada locus polimórfico (indicador de la estructura genotípica de un locus específico en una población dada), el déficit heterocigoto (D) para el sistema α -1B ($p < 0.05$) toma un valor de -0.269 en PI, lo que indica un desequilibrio para las proporciones de Hardy-Weinberg.

Exclusión de paternidad

El valor máximo de probabilidad de exclusión paterna fue de 37,28 para el locus Prt-1 para CB y de 35,92 para el locus Pi-1 para PI, ambos con 5 individuos por camada. En la Tabla 8 se muestran las probabilidades medias de detectar errores genealógicos para cada uno de los once loci polimórficos, ya sea que tengan un individuo o cinco por camada, junto con la probabilidad total combinada de CB y PI.

La probabilidad promedio para todas las razas estudiadas de detectar parentesco incorrecto con una descendencia analizada fue de aproximadamente alrededor del 66,47%, con valores mínimos que oscilaron entre 50,77% y 56,78% para CB y PI, analizando 5 sistemas polimórficos, y valores máximos que oscilaron entre 88,55% y 90,88% para CB y PI con 5 crías por camada y analizando los 11 sistemas polimórficos. En la Tabla 9 se muestra la probabilidad combinada de exclusión de paternidad a través de sistemas polimórficos, para una y cinco crías analizadas por camada, con tres posibles opciones de metodología de laboratorio.

Tabla 8. Probabilidad de exclusión paterna a través de los once sistemas polimórficos considerados de forma aislada, cuando tenemos un solo individuo (m=1) y cuando tenemos cinco individuos analizados por camada (m=5).

Locus	Ca de Bestiar (CB)		Podenco Ibicenco (PI)	
	m=1	m=5	m=1	m=5
Sod	3.09	5.89	0.70	1.37
Lap	0.00	0.00	6.63	12.38
MPI	12.72	20.73	5.55	10.19
Alb	11.23	18.76	18.71	28.07
Pep-D	10.03	17.09	3.86	7.28
Tf	15.88	24.66	19.01	29.94
α_1 -B	17.54	26.65	13.60	21.86
Pi-1	11.62	20.33	23.70	35.92
Prt-1	24.68	37.28	20.34	31.06
Prt-2	0.00	0.00	0.70	1.37
Pa-1	10.31	17.49	17.12	26.15

Tabla 9. Probabilidad combinada de exclusión paterna a través de los sistemas polimórficos estudiados, en Ca de Bestiar y Podenco Ibicenco. De acuerdo con una a cinco crías por camada, en tres posibles opciones de metodología de laboratorio.

Raza	m=1			m=5		
	(A)	(B)	(C)	(A)	(B)	(C)
Ca de Bestiar (CB)	72,02	50,77	58,59	88,55	69,76	77,22
Podenco Ibicenco (PI)	76,05	56,78	65,00	90,88	74,86	82,38

(A) Probabilidad combinada al analizar los once sistemas polimórficos. (B) Probabilidad combinada al analizar 5 sistemas (Pi-1, α_1 -B, Prt-1, Prt-2 y Pa-1). C) Probabilidad de combinación de la opción B y el sistema Transferrina.

Discusión

Ninguna sinergia entre estudios de evaluación de la diversidad genética y de la estructura de la población basado sobre pedigrí o asistidos por marcadores moleculares ha sido desarrollado hasta la fecha en las razas CBOU y CC según el conocimiento de los autores. Las razas caninas CR, CB y CM han mostrado una tendencia evolutiva irregular en cuanto al número de nacimientos, tal y como informan Alanzor Puente, et al. [4] y Navas, et al. [5]. Los picos de natalidad coinciden con el reconocimiento oficial de las asociaciones por los Reales Decretos 558[1] y con los años de mayor actividad asociativa tras el reconocimiento, incluyendo la asistencia a ferias y la organización de concursos monográficos y morfológicos [2].

Los niveles de integridad genealógica del CM se asemejan a los reportados por Leroy, et al. [31] para las razas Pastor de los Pirineos y Mastín de Burdeos, y fueron menores para CB y CR, asemejándose a los valores presentados por Cecchi, et al. [32] para perros reconocidos internacionalmente como el Labrador, el Golden Retriever y el Pastor Alemán utilizados como perros guía. Estos resultados sugieren que el control sobre la información genealógica puede estar influenciado por la función a la que están destinados los animales. Según Cecchi, et al. [33] y Leroy, et al. [31] animales destinados a la caza, el conocimiento de los antepasados es de mayor interés, lo que no se refleja en los datos de CR ya que durante mucho tiempo ha desempeñado un papel más importante como mascota que como raza de caza.

El aumento progresivo del conocimiento genealógico en las tres razas a medida que avanzan las generaciones puede atribuirse a los esfuerzos de las asociaciones en la recopilación de datos. El valor del conocimiento genealógico para el CM en la quinta generación difiere significativamente del CB y CR, lo que podría indicar que la asociación del CM ha puesto más esfuerzo e interés en la recopilación de datos genealógicos en comparación con CB y CR. Los niveles más bajos de integridad genealógica para la quinta generación del CB y CR podrían sugerir que el tiempo transcurrido desde el reconocimiento de las asociaciones por parte de la administración (10-15 años) es relativamente corto para la recopilación de información detallada. Los diferentes intervalos generacionales encontrados en CB, CR y CM

pueden indicar las diferentes aptitudes a las que se dedican las razas. Los perros utilizados para la caza, como el CM, reportan generaciones más largas, posiblemente debido al tiempo que los criadores tardan en evaluar el rendimiento de los animales antes de seleccionar a sus crías como base de la siguiente generación.

Pedersen, et al. [3] sugirió que los parámetros de diversidad para las razas de tipo belleza difieren de los que se utilizan para el rendimiento. Las diferencias en los coeficientes de endogamia y parentesco entre las tres razas pueden indicar las diferentes actividades o funcionalidades de las razas, con valores más bajos para las mascotas y valores más altos para las utilizadas en actividades como la caza, el pastoreo o la vigilancia. Todos los parámetros de diversidad genética difieren estadísticamente entre los perros en función de su funcionalidad. El número de subpoblaciones equivalentes para todos los conjuntos poblacionales es inferior a 2, lo que indica una alta estructuración poblacional, lo que, según Fernández, et al. [34], tiene la ventaja de un menor riesgo de extinción debido a posibles desastres naturales o factores relacionados con la salud. Los valores de relación entre f_a/f_e fluctuaron entre 0,3, 0,34 y 0,55 para CB, CM y CR, respectivamente, lo que sugiere que la información genética de los fundadores se ha conservado a lo largo del tiempo, fueron valores similares a los reportados por Leroy, et al. [35]. El estudio de Voges et al. [36] mostró que los cuellos de botella encontrados en las razas de perros tuvieron un mayor impacto cuando presentaron una relación f_a/f_e más baja, es decir, que explicaron una mayor diferencia entre los fundadores y los antepasados. Estos resultados evidencian que los genotipos de los fundadores aún son representativos en las poblaciones actuales de CB, CR y CM. Los valores que hemos encontrados para las tres razas también sugieren que, aunque se hayan producido cuellos de botella, no se han agudizado. Los cuellos de botella no necesariamente tienen que llevar a las poblaciones a la extinción o salvación, se pueden manifestar en ambas opciones, en este sentido se expresa Navas, et al. [37] comentando que se podría haber conducido tanto al saneamiento de las poblaciones como a un aumento de la amenaza de extinción. En este contexto, Broeckx [38] comenta que una vez definidos los objetivos reproductivos de la raza de perros y se identifican los problemas para esa población en particular, el enfoque siempre surge a partir de la identificación de fenotipos no deseables y el genotipo que hay detrás de ellos. Las estrategias de apareamientos se suelen planificar y desarrollar involucrando a ciertos

animales que destacan por una característica, ya sea funcional o fenotípica, esto ha ocurrido para la población del CM, pero no ha sido el caso de CR y CB, como indica el grado de apareamiento no aleatorio encontrado.

Los resultados del estudio de Jordana Vidal, et al. [24] revelan una pérdida de polimorfismo, una disminución de los valores de heterocigosidad y el número de alelos detectados por locus, particularmente en CB, con los valores más bajos de todo el estudio. Es probable que el CB sufriera un importante cuello de botella, según la hipótesis [39] describiendo su casi desaparición en la década de 1960, con una recuperación a partir de la década de 1970 de cuatro machos y dos hembras. Según Nei [40] el tamaño de la población, implicado en casos de efecto fundador importante y cuellos de botella prolongados, a menudo implica la pérdida de alelos más una reducción significativa en los niveles de heterocigosidad.

Las diferencias en la composición alélica entre las poblaciones se deben principalmente a variaciones en los valores de frecuencia génica más que a sustituciones génicas completas, según Jordana Vidal, et al. [24]. El CB, en cuanto al sistema Prealbúmina-1 (Pa-1), muestra una tendencia hacia la fijación del alelo F, no observada en otras razas estudiadas. Esto puede explicarse por el cuello de botella que experimentó en algún momento de su historia [39] Los pocos individuos que formaron el núcleo fundador, debido a un efecto aleatorio, habrían tenido el alelo F en mayores proporciones que el alelo S, convirtiéndose en el alelo más común. En cuanto al alelo TFA, ha sido descrito con una frecuencia muy baja en varias razas, y para el PI por Jordana Vidal, et al. [24]. Existen diferentes hipótesis sobre su aparición, con Stevens et al. [41] sugiriendo mutaciones independientes y Juneja, et al. [42] proponiendo la introducción a través de apareamientos aleatorios con otros miembros de la familia Canidae.

El estudio de Jordana Vidal, et al. [25] indica que el uso de todos los sistemas descritos en el estudio aumenta la probabilidad de detección de errores. El uso de 5 crías por camada también aumenta la probabilidad. El CB es la raza que peor resultados obtiene para todas las técnicas, aunque mejora al utilizar 5 crías por camada, lo que también ocurre en el PI, aunque tiene valores similares a las otras razas estudiadas. El uso de todos los loci eleva significativamente los costes de uso de la técnica, tal y como describen Jordana Vidal, et al. [25].

Conclusiones

Las irregularidades evolutivas en el número de nacimientos, que se correlacionan con el reconocimiento oficial de la asociación, subrayan la naturaleza matizada del desarrollo de la raza. La integridad del pedigrí diverge, lo que revela que el control de la información está influenciado por las funciones que realizan, particularmente notable en razas como CB y CR con roles como mascotas o cazadoras. Las asociaciones desempeñan un papel fundamental en la acumulación de datos genealógicos a lo largo de generaciones, mientras que las diferencias notables en los coeficientes de consanguinidad entre razas implican diferentes niveles de parentesco genético. Las evaluaciones genéticas moleculares exponen un importante cuello de botella en la historia del CB, que contrasta con la resiliencia del PI. Los estudios de exclusión de paternidad advierten contra el uso de todos los sistemas descritos debido a las probabilidades de error y al alto coste, enfatizando la necesidad de técnicas equilibradas y el uso de pruebas complementarias para mejorar la fiabilidad de los resultados, especialmente con respecto a la determinación de la distribución de frecuencias alélicas en las poblaciones originales y de los parámetros de diversidad genética. El desempeño subóptimo del CB en la exclusión de paternidad se alinea con sus desafíos históricos, y las consideraciones de costos en el empleo de todos los loci indican implicaciones prácticas para estudios futuros. Estos hallazgos enfatizan colectivamente la intrincada interacción entre los eventos históricos, las prácticas de reproducción y la diversidad genética, enfatizando el imperativo de programas de conservación informados para mantener y aumentar las poblaciones de razas al tiempo que salvaguardan su riqueza genética.

Contribuciones de los autores:

Conceptualización, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Curación de datos, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza y Francisco Javier Navas González; Análisis formal, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez y Francisco Javier Navas González;

Obtención de fondos, Águeda Laura Pons Barro y Juan Vicente Delgado Bermejo; Investigación, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Metodología, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez y Francisco Javier Navas González; Administración del proyecto, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez y Juan Vicente Delgado Bermejo; Recursos, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez y Francisco Javier Navas González; Software, José Manuel Alanzor Puente y Francisco Javier Navas González; Supervisión, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Validación, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Visualización, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González; Redacción - borrador original, José Manuel Alanzor Puente y Francisco Javier Navas González; Redacción - revisión y edición, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. Todos los autores leyeron y aceptaron la versión publicada del manuscrito.

Financiación

La presente investigación se llevó a cabo durante el periodo de cobertura de un Contrato Postdoctoral Ramón y Cajal con la referencia MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea "NextGenerationEU"/PRTR.

Declaración de la Junta de Revisión Institucional

No aplica.

Declaración de consentimiento informado

No aplica.

Declaración de disponibilidad de datos

Los datos se pondrán a disposición del autor correspondiente previa solicitud razonable.

Reconocimientos

Los autores expresan su sincero agradecimiento a la Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí y Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya por su inestimable apoyo y colaboración en la publicación de ideas y datos esenciales que finalmente se utilizaron para este estudio. El compromiso y dedicación de estas organizaciones a la preservación y promoción de las razas caninas en las Islas Baleares han enriquecido significativamente la investigación, permitiendo su comprensión integral y permitiendo la evaluación de la dinámica genética y los patrones evolutivos de las razas y grupos de razas presentes en el archipiélago. Su experiencia y contribuciones han sido fundamentales para avanzar en nuestro conocimiento de las poblaciones de razas, lo que refleja su profundo compromiso con la conservación y el bienestar de estas razas caninas únicas.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses

Referencias

1. Ministerio español de Agricultura, Pesca y Alimentación. Real Decreto 558/2001, de 25 de mayo, que regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura. «BOE» No. 142, 14 junio, 2001, páginas 21156-21182.
2. APA/807/2004, O. Orden APA/807/2004, de 24 de marzo, por la que se actualiza el anexo del Real Decreto 558/2001, de 25 de mayo, por el que se regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura. «BOE» No. 77, March 30, 2004, pages 21156-21182.

3. Pedersen, N.; Liu, H.; Theilen, G.; Sacks, B. The effects of dog breed development on genetic diversity and the relative influences of performance and conformation breeding. *J. Anim. Breed. Genet.* **2013**, *130*, 236–248.
4. Alanzor Puente, J.M.; Pons Barro, Á.L.; de la Haba Giraldo, M.R.; Delgado Bermejo, J.V.; Navas González, F.J. Does functionality condition the population structure and genetic diversity of endangered dog breeds under island territorial isolation? *Animals* **2020**, *10*, 1893.
5. Navas, C.M.; González, F.J.N.; López, V.C.; Capellà, L.P.; Fernández, M.G.; Bermejo, J.V.D. Impact of breeding for coat and spotting patterns on the population structure and genetic diversity of an islander endangered dog breed. *Research in Vet. Sci.* **2020**, *131*, 117–130.
6. Gutiérrez, J.P.; Marmi, J.; Goyache, F.; Jordana, J. Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. *J. Anim. Breed. Genet.* **2005**, *122*, 378–386.
7. Sargolzaei, M.; Iwaisaki, H.; Colleau, J.J. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. In Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production: Belo Horizonte–MG, Brazil, MinasCentro Convencion Centre, August 13–18, 2006.
8. Maignel, L.; Boichard, D.; Verrier, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin.* **1996**, 49–49.
9. James, J. A note on selection differential and generation length when generations overlap. *Anim. Sci.* **1977**, *24*, 109–112.
10. Luo, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* **1992**, *24*, 305–313.
11. Gutiérrez, J.P.; Royo, L.; Álvarez, I.; Goyache, F. MolKin v2. 0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *J. Heredity* **2005**, *96*, 718–721.
12. Leroy, G.; Mary-Huard, T.; Verrier, E.; Danvy, S.; Charvolin, E.; Danchin–Burge, C. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. *Genet. Sel. Evol.* **2013**, *45*, 1–10.
13. Gutiérrez, J.; Cervantes, I.; Goyache, F. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.* **2009**, *126*, 327–332.
14. Cervantes, I.; Goyache, F.; Molina, A.; Valera, M.; Gutiérrez, J. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *J. Anim. Breed. Genet.* **2011**, *128*, 56–63.
15. Solomon, E.M., C.; Martin, D.W.; Berg, L.R. *Biology*, 10th ed.; Brooks Cole: Boston, Massachusetts, USA. **2015**.
16. Wright, S. *Evolution and the genetics of populations: Vol. 2. The theory of gene frequencies*; University of Chicago Press, London, UK, 1969.
17. Oliveira, R.; Brasil, L.; Delgado, J.; Peguezuelos, J.; León, J.; Guedes, D.; Arandas, J.; Ribeiro, M. Genetic diversity and population structure of the Spanish Murciano–Granadina goat breed according to pedigree data. *Small Rum Res.* **2016**, *144*, 170–175.
18. Lacy, R.C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.* **1989**, *8*, 111–123.
19. Boichard, D.; Maignel, L.; Verrier, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* **1997**, *29*, 5–23.
20. Santana, M.L.; Bignardi, A.B. Status of the genetic diversity and population structure of the Pêga donkey. *Trop. Anim. Prod. Health.* **2015**, *47*, 1573–1580.

21. Caballero, A.; Toro, M.A. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.* **2000**, *75*, 331-343.
22. Cervantes, I.; Goyache, F.; Molina, A.; Valera, M.; Gutiérrez, J. Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. *ŷ. Anim. Breed. Genet.* **2008**, *125*, 301-310.
23. Nei, M. *Molecular evolutionary genetics*; Columbia University Press: New York, USA, 1987.
24. Jordana Vidal, J.; Arilla, J.P.; Bonastre, A.S. Variabilidad Genética En Diez Razas Caninas Españolas. *Arch. Zootec.* **1991**, *40*, 115-129.
25. Jordana i Vidal, J.; Sánchez Bonastre, A.; Piedrafita Arilla, J. Probabilidad de detección de pedigrees erróneos mediante polimorfismos bioquímicos en razas caninas españolas. *Clin. Vet. Peq. Anim.* **1990**, *10*, 0067-0072.
26. Levene, H. On a matching problem arising in genetics. *Ann. Math. Stat.* **1949**, 91-94.
27. Wright, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* **1965**, 395-420.
28. Swofford, D.L.; Selander, R.B. BIOSYS-1: a FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics and systematics. *ŷ. Heredity* **1981**, *72*, 281-283.
29. Wiener, A.S.; Lederer, M.; Polayes, S.H. Studies in isohemagglutination: IV. On the chances of proving non-paternity: with special reference to blood groups. *ŷ. Immunol.* **1930**, *19*, 259-282.
30. E Cadieu, M.N., P Quignon, K Walsh, K Chase. Coat variation in the domestic dog is governed by variants in three genes. *Science*, **2009**, *326*, 150-153.
31. Nei, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* **1978**, *89*, 583-590.
32. Leroy, G.; Rognon, X.; Varlet, A.; Joffrin, C.; Verrier, E. Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data. *ŷ. Anim. Breed. Genet.* **2006**, *123*, 1-9.
33. Cecchi, F.; Bramante, A.; Mazzanti, E.; Ciampolini, R. A colony of dog guides: analysis of the genetic variability assessed by pedigree data. *Ita. ŷ. Anim. Sci.* **2009**, *8*, 48-50.
34. Cecchi, F.; Paci, G.; Spaterna, A.; Ciampolini, R. Genetic variability in Bracco Italiano dog breed assessed by pedigree data. *Ita. ŷ. Anim. Sci.* **2013**, *12*, e54.
35. Fernández, J.; Meuwissen, T.; Toro, M.; Mäki-Tanila, A. Management of genetic diversity in small farm animal populations. *Animal* **2011**, *5*, 1684-1698.
36. Leroy, G.; Verrier, E.; Meriaux, J.; Rognon, X. Genetic diversity of dog breeds: within-breed diversity comparing genealogical and molecular data. *Anim. Genet.* **2009**, *40*, 323-332.
37. Voges, S.; Distl, O. Inbreeding trends and pedigree analysis of Bavarian mountain hounds, Hanoverian hounds and Tyrolean hounds. *ŷ. Anim. Breed. Genet.* **2009**, *126*, 357-365.
38. Navas, F.; Jordana, J.; León, J.; Barba, C.; Delgado, J. A model to infer the demographic structure evolution of endangered donkey populations. *Animal* **2017**, *11*, 2129-2138.
39. Broeckx, B.J. The dog 2.0: Lessons learned from the past. *Theriogenol.* **2020**, *150*, 20-26.
40. Guasp, A. Pastor Mallorquin o Ca de Bestiar. In Proceedings of the I Simposio Nacional de Razas Caninas Española, Universidad de Córdoba, 19- 21 March, Córdoba, Spain, 1982.

41. Stevens, R.; Townsley, M. Canine serum transferrins. *J. Heredity* **1970**, *61*, 71-73.
42. Juneja, R.K.; Reetz, I.; Christensen, K.; Gahne, B.; Andresen, E. Two-dimensional gel electrophoresis of dog plasma proteins: Genetic polymorphism of an α 1-protease inhibitor and another postalbumin. *Hereditas* **1981**, *95*, 225-233.

5.2 ¿Condiciona la Funcionalidad la Estructura Poblacional y la Diversidad Genética de las Razas Caninas en Peligro de Extinción bajo Aislamiento Territorial Insular?

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Manuel Rafael de la Haba Giraldo ², Juan Vicente Delgado Bermejo ² y Francisco Javier Navas González ^{2*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural Govern Illes Balears, 07009 Palma, España.

² Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.

Información sobre el indicador de calidad que figura en la publicación

Estado del manuscrito: Publicado

Revista (año, volumen, páginas): Animals

Base de datos internacional en la que está indexada: Journal of Citation Reports (JCR)

Área temática en la base de datos de referencia: Ciencias Veterinarias

Índice de impacto de la revista en el año de publicación del artículo: 2,752 (2020)

Clasificación/número de revistas en el área temática: 19/146 (Q1) (2020)

Resumen

A pesar de la indefinición de los orígenes de los perros Ca de Rater (CR) y Ca de Bestiar (CB), las referencias a estas razas autóctonas en peligro de extinción destacaron sus habilidades de rateo/mascota y pastoreo/guarda durante siglos. Los registros genealógicos históricos se rastrearon hasta los fundadores. Se determinó el número de fundadores en la población de referencia (146 y 53 para CR y CB, respectivamente), las generaciones máximas históricas y de referencia trazadas (ocho y siete para CR y CB, respectivamente) y el número promedio histórico de generaciones completas (1,04 para ambas razas). La evaluación de la estructura reveló la existencia de subpoblaciones con respecto a criterios como reproductores (75 y 17), ubicación de reproductores (32 y 8), propietarios (368 y 198) y ubicación de propietarios (73 y 51) para CR y CB, respectivamente. La consanguinidad media (F) dentro de las subpoblaciones de razas osciló entre el 0,27-1,20% para los criadores de CB y el resto de los criterios de subpoblación para ambas razas, respectivamente, excepto para los propietarios de CB y la ubicación de los propietarios. La consanguinidad osciló entre 0,27-1,41% para la población histórica del CB y la población actual del CR, respectivamente. El estudio de la diversidad genética reveló un trasfondo genético relativamente similar entre las subpoblaciones. La coascendencia promedio entre y dentro de las razas sugería un proceso evolutivo similar. Sin embargo, la prueba U de Mann-Whitney determinó diferencias significativas para los parámetros de diversidad (F , ΔR , coancestría, grado de apareamiento no aleatorio, generaciones máximas, completas y equivalentes, ΔF e índice de conservación genética) entre las razas y sus funcionalidades. En conclusión, la funcionalidad de las razas caninas puede determinar la evolución de la diversidad genética de las razas en peligro de extinción, incluso cuando estas comparten las mismas condiciones de aislamiento geográfico.

Palabras claves

Ratear y caza; guardia y pastoreo; funcionalidad; estrategias de conservación; evaluación basada en el pedigrí; estructura de la población.

Introducción

Un análisis de los registros históricos del Ca de Rater mallorquina (CR) sugiere orígenes bastante indefinidos [1]. Las primeras referencias de la raza CR fueron descritas por el Archiduque Lluís Salvador de Austria [2] hace unos 150 años. Contextualmente, el estudio de sus relaciones con otras poblaciones caninas apoya un presunto origen antiguo [3] vinculado al tronco egipcio, que derivó en un perro cazador de ratas completamente funcional [4]. Esta labor no solo le dio a la raza su nombre, CR o perro Rater, sino que también acompañó y definió la conexión de la raza con los humanos hasta ahora [4].

La definición de la raza puede haber ocurrido paralelamente con las repoblaciones mallorquinas de ciudades valencianas como Taberna (valle de Gallinera) en el siglo XVII, que potencialmente introdujeron un tipo de perro mallorquín que se ajustaba a la morfología y los propósitos de un terrier de ratas [3]. Recíprocamente, otros autores atribuyen un origen más reciente de la raza, a la llegada de los valencianos a la Albufera de Mallorca para cultivar arroz (a la villa de Alcudia y su extensión a las localidades de Muro y Sa Pobla) a principios del siglo XX. Estos nuevos isleños [5] pueden ser responsables de la introducción y cruzamiento de sus animales potencialmente afines morfológica y funcionalmente con los individuos de razas autóctonas mallorquinas [4], para exterminar las abundantes ratas de la zona y sus efectos perjudiciales sobre la salud y los cultivos [1]. En línea con este testimonio, ciertas referencias nombraron a la raza como fox terrier mallorquín, lo que podría sugerir su relación con un homónimo inglés [1].

Poco a poco, el CR se extendió a muchas otras regiones españolas [4]. Las influencias recibidas a través del proceso de conformación y definición de la población actual hicieron de este perro un animal de compañía excepcional. Sin embargo, la función principal por la que se criaron y seleccionaron los CR fue su mayor capacidad para cazar ratas y otras especies no cinegéticas [3]. Además, el uso del CR en la caza de conejos comenzó a desarrollarse como un intento de aprovechar su instinto natural hacia la captura de pequeños mamíferos o aves. El CR se utiliza para buscar en las orillas donde otras razas de caza de mayor tamaño no pueden acceder a los conejos, haciendo uso de sus aptitudes olfativas, visuales y auditivas mejoradas, lo que resulta extremadamente útil en el seguimiento para la caza de liebres, el

señalamiento de perdices o la recuperación de tordos. La reconsideración de la raza puede estar vinculada a la revalorización de las técnicas de caza tradicionales sostenibles, el mantenimiento de áreas agrícolas y naturales, y la conservación de la cultura.

Las raíces del Ca de Bestiar (CB) son indefinidas [1]. Las primeras descripciones morfológicas de la raza datan del siglo XIX [4]. Las referencias más antiguas sugieren que la raza podría descender del llamado Alano o perro pastor, resaltando su contribución y papel útil en la conquista de Mallorca por parte de Jaime I de Aragón [1]. Otra hipótesis [4] establece que los orígenes del CB están vinculados a los estándares de perros mastines, según lo descrito por el Archiduque Lluís Salvador de Austria [2]. Después de que estos mastines fueron introducidos en Mallorca y cruzados con razas locales, el CB redujo su tamaño y su carácter se volvió relativamente menos complejo, haciéndolo adecuado para el cuidado del ganado autóctono y como guardián de la casa contra visitantes no deseados [4]. La aplicación actual y más relevante del CB como perro pastor para manejar todo tipo de ganado (ovejas, cabras, cerdos, vacas o incluso pavos) se combina con su papel en la defensa de las casas contra desconocidos (posiblemente derivado de su uso anterior como perro de pelea). Los pastores solían pasar casi toda su vida solos en las montañas y necesitaban protección contra otros perros y ladrones; por lo tanto, poner a prueba la capacidad de los perros para protegerlos era una práctica común.

Las etapas iniciales de la estandarización morfofuncional de una raza pueden promover el cruce entre parientes cercanos para identificar y fijar las características o cualidades que definen una raza. Esta selección masiva inicial se lleva a cabo sin tener en cuenta los posibles efectos perjudiciales derivados de la pérdida simultánea de diversidad genética y el aumento de otros parámetros como la endogamia. Las preocupaciones sobre los posibles efectos de la endogamia y la reducción de la diversidad en la salud, funcionalidad y bienestar de las razas de perros han llevado a la llamada de prácticas mejoradas de gestión genética [6]. La funcionalidad o el propósito al que se destinan las razas condiciona los patrones que impulsan los mecanismos de diversidad genética. Sin embargo, autores como Pedersen et al. [7] sostienen que la importancia de la funcionalidad como agente impulsor de la diversidad genética puede haber quedado enmascarada por otros factores más populares, como la conformación o morfología.

Las razas de perros han sido tradicionalmente clasificadas según su uso, lo que tendía a agrupar algunas razas genéticamente no relacionadas, especialmente cuando se consideraban perros de origen geográfico ampliamente diferente [8]. Como resultado, evaluar la función para la cual las razas se utilizan actualmente puede virtualmente permitir rastrear las razas modernas de perros hasta sus orígenes [7]. Las razas tradicionalmente vinculadas a un propósito funcional específico pueden haber evolucionado en el contexto del uso original en el que se construyó la relación humano-animal (ya sea para cazar ratas, señalar, recuperar, perseguir, guardar, pastorear, correr, caza de especies únicas, o actividades tan oscuras como la participación de los perros en las corridas de toros e incluso las peleas de perros). La evolución de las necesidades humanas cambió las prioridades del dueño y criador en cuanto a qué cualidades deberían considerarse al seleccionar animales para su función. Esto se hace especialmente evidente en equinos [9,10] y perros [7], para los cuales la funcionalidad puede haber desempeñado un papel crucial. Las prácticas de cría para la conformación reemplazaron criterios de un mayor rendimiento debido al desplazamiento de varias razas de trabajo para asumir un papel de mascota.

Cuando se selecciona para mejorar el rendimiento, las prácticas de cría son menos propensas a llevar a cambios pronunciados en la forma y función básica, y, por lo tanto, en la diversidad subyacente. En cambio, al seleccionar para la conformación, las prácticas de cría pueden llevar a cambios significativos en la apariencia y habilidades de rendimiento de muchas razas, a veces distorsionadas hasta extremos [7]. Aunque esta situación puede haber afectado a las razas de perros a través de sus usos en todo el mundo, ciertos factores pueden haber actuado como mitigadores o impulsores de los procesos de diversidad genética. En este sentido, la situación contextual de las razas de perros, su expansión mundial o su popularidad pueden determinar los patrones de conservación a implementar. Factores condicionantes de la diversidad genética, como la funcionalidad, pueden ser decisivos para garantizar el futuro de las razas. La información genealógica detallada de poblaciones en peligro, su diversidad genética, la evaluación de su estructura poblacional y las prácticas de conservación o políticas de cría implementadas se han convertido en herramientas indispensables para el desarrollo de programas de conservación, ya que el valor de los individuos reproductores se determina

considerando su ascendencia, lo que confiere estrictamente una base económica al control de la endogamia y la gestión de apareamiento.

Por estas razones, los objetivos de este trabajo fueron los siguientes: El primero, estudiar la evaluación de la integridad del registro genealógico histórico de CR y CB, controlando las repercusiones de los ancestros y fundadores. El segundo, evaluar la estructura poblacional actual, la variabilidad genética y las conexiones entre los parámetros genéticos y demográficos, midiendo el flujo genético existente y cuantificando el riesgo de pérdida de diversidad genética, evaluando el grado de amenaza al que cada raza está expuesta para sugerir estrategias efectivas de conservación y selección. El tercero, analizar si los criterios funcionales y las idiosincrasias relacionadas con la cría funcional pueden haber condicionado la diversidad genética y la estructura poblacional a lo largo del proceso de aislamiento y definición de cada raza, incluso cuando compartían un nicho territorial común. Este modelo puede servir como herramienta para evaluar el grado de peligro al que las razas de perros pueden estar expuestas, lo que puede ayudar a implementar estrategias efectivas de conservación y prácticas de selección que podrían ser extensibles a otras poblaciones de perros y otras pequeñas poblaciones en peligro.

Materiales y Métodos

Registros Animales y Software

Los registros genealógicos utilizados en este estudio fueron proporcionados por el Club del Ca de Rater Mallorca para el CR y por la Associació de Criadors i Propietaris del Ca Pastor Mallorquí—Club del Ca de Bestiar para el CB. El archivo completo de pedigrí incluye 1810 animales (46.91% padres; 53.09% madres) nacidos entre enero de 1987 y septiembre de 2017 para la población histórica de CR. Por otro lado, para CB, el archivo de pedigrí histórico incluye 385 animales (49.61% padres; 50.39% madres) nacidos entre junio de 1994 y abril de 2018. Se rastreó y analizó la información genealógica de cada perro hasta sus ancestros.

Se llevaron a cabo análisis moleculares de asignación de raza para verificar el porcentaje de asignación de raza (pureza de raza) y detectar de manera simultánea la posible introducción de otras razas para garantizar la confiabilidad de nuestros resultados utilizando el panel de repetición en tándem corto (STR) panel principal de la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG) con 21 marcadores (Tabla S1).

Tabla S1. Panel principal de STR de perros de la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG) con 21 marcadores que muestra los valores de homocigosis (Ho) y heterocigosis (He) para cada marcador

Locus	Homocigosis (Ho)	Heterocigosis (He)
UK109	0.468	0.552
AHT126	0.526	0.662
AHT125	0.541	0.758
UK133	0.547	0.64
UK111	0.603	0.751
CXX_403	0.63	0.747
LEI007	0.646	0.746
UK118	0.654	0.807
CPH3	0.655	0.776
1_9A	0.694	0.825
UK101	0.703	0.834
CXX2137	0.753	0.893
PEZ5	0.444	0.488
PEZ20	0.456	0.492
FHC2010	0.475	0.508
PEZ1	0.515	0.566
PEZ6	0.604	0.653
PEZ12	0.639	0.649
PEZ8	0.64	0.689
PEZ13	0.663	0.684
PEZ11	0.718	0.720

ISAG Taller: Genética Aplicada de Animales de Compañía. En: Actas de la 35ª Conferencia Internacional sobre Genética Animal, Salt Lake City, Salt Lake City, Utah, USA, 2016.

El Kit de Parentesco Canino ISAG STR (2014) es un kit de reactivos optimizado para el análisis de los 21 loci STR recomendados por la ISAG en 2014 para la determinación del parentesco canino, lo que nos permitió verificar la validez del archivo de pedigrí. Los protocolos de amplificación y genotipado se pueden consultar en appliedbiosystems [11]. Se llevó a cabo la evaluación de la estructura poblacional y la diversidad genética utilizando la

información genealógica histórica mencionada anteriormente y las poblaciones actuales de ambas razas (1468 animales—48.23% padres y 51.77% madres—nacidos entre mayo de 2001 y septiembre de 2017 para CR; 307 animales—50.16% padres y 49.84% madres—nacidos entre abril de 2005 y abril de 2018 para CB).

Los parámetros demográficos y de diversidad genética fueron evaluados utilizando el software ENDOG (v4.8) [12] y el software CFC [13] en todos los conjuntos de datos.

Análisis de la Información Genealógica

Se calcularon el número máximo de crías por padres y madres, así como el número medio de crías por macho o hembra, evaluando las tendencias descritas por el número de nacimientos durante el período que abarcó el estudio. El índice de completitud del pedigrí se evaluó a través del número máximo, completo y equivalente de generaciones rastreadas [14]. El estudio de la información genealógica se realizó calculando el porcentaje de individuos conocidos desde la primera hasta la quinta generación (de padres a bisabuelos).

Análisis de Políticas de Cría

La duración de las generaciones [15] y la edad promedio de los padres en el momento del nacimiento de sus crías (ya sea utilizadas para reproducción o no) se calcularon para cada una de las cuatro vías gaméticas: de padre a hijo, de padre a hija, de madre a hijo y de madre a hija.

Diversidad Genética

La diversidad genética se evaluó a través de los parámetros descritos a continuación.

Estimadores Genealógicos de Identidad por Descendencia (IBD)

El coeficiente de consanguinidad individual (F) se calculó según lo descrito por Luo [16], la relación promedio (ΔR) de cada individuo se calculó según lo descrito por Gutiérrez et al. [17], y el coeficiente de coancestría (C) se calculó según lo descrito por Leroy et al. [18]. El coeficiente de consanguinidad individual (ΔF) para la generación se calculó según lo sugerido por Gutiérrez et al. [19]. La media de ΔR y F por generación se utilizaron para emitir ecuaciones de regresión lineales y cuadráticas para describir y predecir la evolución de ambos coeficientes hasta 15 generaciones, como sugiere Navas et al. [20]. Las ecuaciones de regresión, su representación gráfica y su comparación entre funcionalidades se muestran en las Figuras 1 y 2.

La tasa individual de coancestría (ΔC) para la generación se calculó según lo sugerido por Cervantes et al. [21]. La tasa de apareamiento asortativo o grado de apareamiento no aleatorio [22] se evaluó para determinar la desviación de las tasas de apareamiento de las proporciones de Hardy-Weinberg a través de su relación con los coeficientes de consanguinidad, como sugirió Wright [23]. El índice de conservación genética (GCI) se calculó según las descripciones en Oliveira et al. [24]

Análisis de Fundadores

El número efectivo de fundadores (f_e) se calculó según lo descrito por Lacy [25], mientras que el número efectivo de ancestros (f_a) necesario para explicar la diversidad genética completa se calculó según lo descrito por Boichard et al. [26] para tener en cuenta las pérdidas de variabilidad genética causadas por cuellos de botella poblacionales [27]. El número efectivo de genomas fundadores (f_g) se calculó según la definición de Lacy [25], como el inverso del doble del coeficiente de parentesco promedio de los individuos de la población [28]. La contribución marginal esperada de cada ancestro principal se calculó como su contribución genética esperada independiente de las contribuciones de los otros ancestros [26]. Las contribuciones a la consanguinidad de los ancestros comunes nodales (con las mayores contribuciones genéticas marginales) se calcularon según Colleau et al. [29].

El tamaño medio efectivo de la población (N_e) se calculó según lo descrito por Wright [23] como el tamaño de una población idealizada que daría lugar a la tasa de endogamia, o la

tasa de cambio de la varianza en las frecuencias génicas observadas en la población. El número de subpoblaciones equivalentes se calculó según lo descrito por Cervantes et al [30]. La diversidad genética (GD) se calculó según lo descrito por Lacy [25]. La GD perdida en la población desde la generación fundadora se estimó restando GD de 1. Las contribuciones desiguales de los fundadores a la pérdida de GD se calcularon según lo descrito por Caballero et al. [28]. La diferencia entre GD y GD* indica la pérdida de GD acumulada desde la fundación de la población [31]. Finalmente, el número efectivo de no fundadores [Nef] se calculó siguiendo los principios de Caballero et al. [28] para describir la relación entre el número efectivo de fundadores y los equivalentes genómicos de los fundadores.

Relaciones entre Propietarios y Criadores

Se calculó la distancia genética mínima de Nei [32] entre criadores, ubicaciones de criadores, propietarios y ubicaciones de propietarios para evaluar las relaciones entre las poblaciones. En nuestro caso, evaluamos la existencia de posibles líneas cuando los criadores y propietarios, así como sus ubicaciones, se consideraron como criterios de segregación. Se construyeron dendrogramas para propietarios y criadores de ambas razas utilizando el método de agrupación no ponderado de pares con promedio aritmético (UPGMA) mediante la tarea de construcción de árboles del procedimiento de Filogenia de MEGA X 10.0.5. [33]

Impacto Funcional en los Parámetros Demográficos y de Diversidad

Para evaluar el impacto de la funcionalidad en los parámetros demográficos y de diversidad, las poblaciones históricas y actuales se subdividieron en dos grupos, considerando por separado cada una de las razas y su función (CR, caza/rateo; CB, guarda/pastoreo).

Se realizó la prueba de Shapiro–Francia W' (para $5 \leq n \leq 1000$ muestras) para estudiar la distribución de datos utilizando el procedimiento de normalidad Shapiro–Francia del software Stata Versión 15.0. También se llevó a cabo la prueba de Levene para determinar la

homogeneidad de la varianza entre grupos, utilizando el procedimiento explore del paquete de estadísticas descriptivas en SPSS Statistics, Versión 25.0, IBM Corp [34]. Dado que no se cumplían las suposiciones paramétricas para los parámetros de diversidad (normalidad y homocedasticidad, $p < 0.05$), se realizaron pruebas U de Mann–Whitney y pruebas t independientes de medianas para detectar posibles diferencias en las estadísticas poblacionales y los parámetros de diversidad entre las razas CR y CB, respectivamente (coeficiente de endogamia (F, %), coeficiente de parentesco promedio (ΔR), número de generaciones máximas, número de generaciones completas, número equivalente de generaciones, aumento individual en la endogamia media (ΔF , %), e índice de conservación genética (GCI)). Estas pruebas se llevaron a cabo mediante el procedimiento de muestras independientes de la tarea de pruebas no paramétricas de SPSS Statistics para Windows, Versión 25.0, IBM Corp. [34].

Según Gibbons et al. [35], la probabilidad estimada de un error de Tipo I se controla (en el sentido de estar razonablemente cerca del nivel alcanzable) mediante las pruebas de Mann–Whitney, t de Student y t independiente de medianas cuando las varianzas son iguales, independientemente de los tamaños de muestra. Sin embargo, se controla mediante la t de Student alternativa (t independiente de medianas) en caso de varianzas desiguales con tamaños de muestra también desiguales.

Declaración de Ética de Publicación

El Club del Ca de Rater Mallorca y el Club del Ca de Bestiar dieron su consentimiento informado para el uso de datos de pedigrí antes de que se realizara el estudio. Dado que no se tomaron muestras biológicas, no fue necesario obtener más permisos. El estudio se llevó a cabo de acuerdo con la Declaración de Helsinki. El Ministerio de Economía y Competitividad de España, a través del Real Decreto Ley 53/2013 y su entidad acreditada, el Comité de Ética de Experimentación Animal de la Universidad de Córdoba, autorizó la aplicación de los protocolos presentados en este estudio, según se cita en la quinta sección de su segundo artículo, ya que los animales evaluados se utilizaron para un uso zootécnico

acreditado. Este Decreto nacional sigue la Directiva de la Unión Europea 2010/63/UE, del 22 de septiembre de 2010.

Resultados

Análisis de Información Genealógica

Se observaron varios picos históricos de nacimientos registrados para ambas razas: de 2002 a 2003 y de 2007 a 2008 en CR; en 2007 y en 2009 en CB. Sin embargo, se observó una reducción drástica en el número de nacimientos de la raza CR a partir de 2008. Tal reducción drástica no se observó para la raza CB. El número promedio histórico de nacimientos fue de 58 y 16, y los años en los que se registró el mayor número de nacimientos fueron 2007, y 2009 (163 y 37 nacimientos) para CR y CB, respectivamente. Sin embargo, después de 2011, hubo una disminución progresiva en el número de nacimientos en la raza CR, que nunca alcanzó los niveles mínimos alcanzados durante el período de 1987 a 1997. Contrariamente, a pesar de que CB presentó fluctuaciones notables en el número de nacimientos a lo largo de los años, los valores más altos encontrados en 2007 y 2009 (37) nunca se volvieron a alcanzar en la historia de la raza. Para el CB, las tendencias se mantuvieron en el tiempo y los valores nunca cayeron por debajo de los del período de 1994 a 2001. El número histórico de generaciones completas en la última década fue de 1.04 ± 0.79 y 1.04 ± 0.62 para CR y CB, respectivamente. El número histórico de generaciones equivalentes fue de 1.50 ± 1.09 y 0.89 ± 0.99 para CR y CB, respectivamente. El índice de completitud del pedigrí experimentó un aumento promedio por generación del 3.646% y el 1.558% al comparar las poblaciones históricas y actuales de CR y CB, respectivamente. El número máximo histórico de descendencia por macho fue de 117 y por hembra fue de 39 en CR, mientras que los mismos parámetros alcanzaron valores de 18 y 16, respectivamente, para el CB. Estos números se redujeron a 72 y 33 por macho y hembra, respectivamente, en la población actual de CR, mientras que los valores históricos se mantuvieron constantes para la población actual de CB. El análisis de la progenie muestra que el promedio de descendencia

por macho fue de 1.66 y 1.13 en la población histórica y la población de referencia del CR, respectivamente. Estos valores se redujeron a 1.00 y 0.81 en las poblaciones históricas y de referencia del CB, respectivamente. Contrariamente, el promedio de descendencia por hembra fue de 1.45 y 1.00 en la población histórica y la población de referencia del CR, respectivamente. Estos valores se redujeron a 0.96 y 0.67 en las poblaciones históricas y de referencia del CB, respectivamente. La proporción de hembras por macho fue de 1.13/1 y 1.05/1, y 1.02/1 y 0.99/1, para poblaciones históricas y actuales en CR y CB, respectivamente. La descendencia de los machos seleccionados para la cría fue alrededor del 40–45% en poblaciones históricas y actuales del CB, con la excepción de la descendencia de los machos seleccionados para la cría en la población actual, que se redujo a la mitad de este valor (21.54%) en las poblaciones históricas y de referencia. Se encontraron valores ligeramente más bajos para la raza CR, que estuvieron alrededor del 15% al 18% para la descendencia de machos y hembras seleccionados para la cría en poblaciones históricas y actuales. Los resultados del análisis de la progenie para todas las subdivisiones de la población estudiada se presentan en la Tabla 1.

La edad promedio de los machos y hembras en reproducción fue muy similar (~14 años) para las poblaciones históricas y de referencia de ambas razas. La duración de las generaciones fue de 3.94 y 3.93 años, y 3.09 y 4.04 para las poblaciones históricas y de referencia de CR y CB, respectivamente. Los valores más bajos reportados para el intervalo de generación fueron 2.71 y 3.64 para las rutas gaméticas de madre a hijo de la población histórica del CB y para la ruta gamética de padre a hija y de madre a hija de la población actual del CR, respectivamente (Tabla S2). La Tabla S2 sugiere que la edad promedio (años) de los padres en el momento del nacimiento de su descendencia para las cuatro rutas gaméticas en ambas razas fue alrededor de 4. Se presenta un resumen de las estadísticas demográficas y de la progenie derivadas del análisis del pedigrí de ambas razas en la Tabla 1.

Tabla 1. Resumen de parámetros de análisis demográfico y de descendencia en las poblaciones históricas y actuales de Ca de Rater y Ca de Bestiar.

Parámetro	Ca de Bestiar (CB)		Ca de Rater (CR)	
	Histórico	Actual	Histórico	Actual
Tamaño de la población	385	307	1810	1468
Número máximo de generaciones trazadas, n	7	7	8	8
Nivel de completitud de pedigrí en la 1ª generación, (Padres conocidos)	48.96	50.33	77.71	84.88
Nivel de completitud de pedigrí en la 2ª generación, (Abuelos conocidos)	23.05	25.98	41.56	50.80
Nivel de completitud de pedigrí en la 3ª generación, (Bisabuelos conocidos)	10.13	12.22	17.54	17.54
Nivel de completitud de pedigrí en la 4ª generación, (Tatarabuelos conocidos)	4.09	5.13	7.45	8.86
Nivel de completitud de pedigrí en la 5ª generación, (Tatarabuelos conocidos)	1.43	1.79	2.46	2.87
Número máximo de generaciones (media±SD)	1.72±2.22	1.96±2.22	2.35±2.09	2.77±2.09
Número de generaciones completas (media±SD)	1.04±0.62	0.57±0.62	1.04±0.79	1.18±0.79
Número de generaciones equivalentes (media±SD)	0.89±0.99	0.97±0.99	1.50±1.09	1.74±1.09
% Machos	49.61	50.16	46.91	48.23
Número medio de cachorros por macho, n	1.00	0.81	1.66	1.13
Número máximo de cachorros por macho, n	18	18	117	72
Edad media del macho en reproducción, años	14.78	14.09	14.30	13.61
% Hembras	50.39	49.84	53.09	51.77
Número medio de cachorros por hembra, n	0.96	0.67	1.45	1.00
Número máximo de cachorros por hembra, n	16	16	39	33
Edad media de la hembra en reproducción, años	13.16	12.32	14,91	14.07
Relación Mujer/Hombre	1.02/1	0.99/1	1.13/1	1.05/1
Progenie de macho seleccionado para reproducción, %	39.13	21.54	14.86	15.29
Progenie de hembra seleccionada para reproducción, %	44.00	40.54	17.74	18.22

Tabla S2. Intervalos generacionales (años) y edad media (años) de los padres al nacer sus crías para las cuatro rutas gaméticas en las razas caninas Ca de Bestiar y Ca Rater.

Parámetro		Rutas gaméticas	Macho a hijo	Hembra a hijo	Macho a hija	Hembra a hija	Total
Ca de Bestiar	Histórica (n=385)	N	16	29	15	29	89
		Media	3.51	2.71	3.51	3.02	3.09
		Desviación Estándar	2.79	2.10	1.81	2.34	2.26
		Error estándar medio	0.70	0.39	0.47	0.44	0.24
	Actual (n=307)	N	9	14	9	15	47
		Media	5.20	3.79	4.02	3.60	4.04
		Desviación Estándar	2.61	2.41	1.44	2.65	2.38
		Error estándar medio	0.87	0.80	0.48	0.88	0.35
Ca Rater	Histórica (n=1810)	N	59	108	55	107	329
		Media	3.77	4.33	3.78	3.74	3.94
		Desviación Estándar	2.45	2.95	1.96	2.08	2.45
		Error estándar medio	0.32	0.28	0.26	0.20	0.14
	Actual (n=1468)	N	53	88	50	87	278
		Media	3.79	4.48	3.64	3.64	3.93
		Desviación Estándar	2.42	3.02	1.92	1.99	2.45
		Error estándar medio	0.33	0.42	0.26	0.27	0.15
Parámetro		Edad media de los padres al nacer sus hijos	Macho a hijo	Hembra a hijo	Macho a hija	Hembra a hija	Total
Ca de Bestiar	Histórica (n=385)	N	92	98	89	98	377
		Media	4.52	3.83	4.80	3.72	4.20
		Desviación Estándar	2.73	2.85	3.82	1.98	2.92
		Error estándar medio	0.28	0.29	0.41	0.20	0.15
	Actual (n=307)	N	79	77	75	78	309
		Media	5.01	4.42	5.10	4.06	4.64
		Desviación Estándar	2.61	2.90	4.01	1.85	2.95
		Error estándar medio	0.29	0.33	0.45	0.21	0.17
Ca Rater	Histórica (n=1810)	N	691	725	684	713	2813
		Media	4.06	4.27	3.84	3.86	4.01
		Desviación Estándar	2.55	2.61	2.38	2.28	2.46
		Error estándar medio	0.10	0.10	0.09	0.09	0.05
	Actual (n=1468)	N	612	641	607	632	2492
		Media	4.06	4.27	3.75	3.87	3.99
		Desviación Estándar	2.54	2.60	2.28	2.25	2.43
		Error estándar medio	0.10	0.11	0.09	0.09	0.05

Diversidad genética

Estimadores genealógicos de identidad por descendencia (IBD)

Los coeficientes de endogamia para las poblaciones históricas y actuales fueron del 1.15% y 1.41%, y del 0.27% y 0.34% para CR y CB, respectivamente. A pesar de estos coeficientes relativamente bajos, se registraron animales altamente endogámicos en las poblaciones históricas y actuales. El porcentaje máximo de endogamia (26.41%) se informó para las poblaciones históricas y actuales de CR. CB alcanzó la mitad del valor informado para CR en ambas poblaciones (13.38%). El porcentaje de animales endogámicos fue 1-2 veces más alto en las poblaciones históricas y actuales de CR en comparación con CB (Tabla 2). La tasa de apareamiento no aleatorio fue de 0.00 y -0.01 para las poblaciones históricas y de referencia de CR y CB, respectivamente, como se muestra en la Tabla 2.

Tabla 2. Resumen de los estimadores de identidad por descendencia, la tasa de apareamiento no aleatorio (α) y el índice de conservación genética (GCI).

Parámetro	Conjunto de población		Ca de Bestiar		Ca Rater	
	Histórico (n=385)	Actual (n=307)	Histórico (n=1810)	Actual (n=1468)	Histórico	Actual
Consanguinidad (F %)	0.27	0.34	1.15	1.41		
Aumento individual medio de la consanguinidad (ΔF %)	0.13	0.16	0.92	1.13		
Coefficiente máximo de consanguinidad (%)	13.38	13.38	26.41	26.41		
Animales consanguíneos (%)	4.68	5.86	13.98	17.17		
Animales altamente endogámicos (%)	1.30	1.63	3.70	4.77		
Ascendencia media (C %)	0.86	0.86	1.34	1.41		
Parentesco medio (ΔR %)	1.73	1.73	2.49	2.83		
Tasa de apareamiento no aleatoria (α)	-0.01	-0.01	0.00	0.00		
Índice de conservación genética (GCI)	2.00	2.10	2.98	2.98		

El coeficiente medio de parentesco en las poblaciones históricas y de referencia fue del 1.34% y 1.41%, respectivamente, para CR, mientras que fue del 0.86% para las poblaciones históricas y de referencia de CB.

Tabla 3. Resumen de las medidas de diversidad genética y análisis de las probabilidades de origen genético.

Parámetro	Referencia Ca de Bestiar (CB)	Ca de Rater (CR)
Población histórica	385	1810
Población actual	307	1468
Población base (uno o más padres desconocidos)	205	443
Población base real (un padre desconocido = medio fundador)	196,50	403,50
Número de fundadores, n	53	146
Número de ancestros, n	61	148
Número efectivo de no fundadores Nef	171,99	102,51
Número de fundadores equivalentes (fe)	87,32	66,08
Número efectivo de antepasados (fa)	26	36
Equivalentes del genoma fundador (fg)	57,92	40,18
fa/fe ratio	0,30	0,55
fg/fe ratio	0,66	0,61
Diversidad genética, GD	0,99	0,99
Pérdida de Diversidad genética, GDL	0,01	0,01
Diversidad genética en la población de referencia considerada calcular la pérdida de diversidad genética debido a la desigualdad contribución de los fundadores, DG	0,99	0,99
GDL debido a cuellos de botella y deriva genética desde sus fundadores (GBDr)	0,01	0,01
GDL por deriva genética desde fundadores (GDr)	0	0
GDL debido a contribuciones desiguales de los fundadores	0,01	0,01
Ancestros que explican el 25% del acervo genético (n)	4	5
Ancestros que explican el 50% del acervo genético (n)	10	13
Ancestros que explican el 75% del acervo genético (n)	21	36
Incremento individual promedio en endogamia (ΔF)	0	0,01
Parentesco medio (ΔR)	0,02	0,25

Análisis de fundadores

Los resultados del análisis de las probabilidades de origen génico, las contribuciones ancestrales y la pérdida de diversidad genética se muestran en la Tabla 3. El índice de conservación genética (GCI) informó valores alrededor de 3 para las poblaciones históricas y actuales de CR, y valores de 2 para las poblaciones históricas y actuales de CB (Tabla 2).

La diversidad genética fue de alrededor del 99% en ambas razas. El valor más bajo se informó para CR, aunque las diferencias con CB no fueron notables (98.76%), que fue la población para la cual la pérdida de diversidad genética fue ligeramente mayor. La pérdida de diversidad genética debida a la deriva genética fue del 0.5% y 0.3% en las poblaciones de CR y CB, respectivamente. Se informó un valor del 1.24% y 0.9% para la pérdida de diversidad genética que se podría atribuir a cuellos de botella y deriva genética para las poblaciones de referencia de CR y CB (Tabla 3).

El coeficiente medio de parentesco fue del 24.09% y 1.73% en las poblaciones de referencia de CR y CB. Para CR, considerando las contribuciones genéticas marginales de los ancestros, un solo ancestro (número de identificación 138) explicaba del 9.25% al 14.13% del pool genético de la población histórica y del 8.97% al 13.55% de la población actual. Por el contrario, para CB, las contribuciones genéticas marginales de un solo ancestro (número de identificación 202) explicaban del 9.77% al 15.89% del pool genético de la población histórica y del 4.42% al 8.37% de la población actual. Además, 15 y 31 individuos explicaban el 50% del pool genético de las poblaciones actuales e históricas de CR y CB, respectivamente.

Los resultados para los tamaños efectivos calculados a través de la tasa individual de endogamia y la tasa individual de parentesco se informan en la Tabla 4. El tamaño efectivo de la población calculado a través de la tasa individual de endogamia fue de 54.35 y 384.62 en las poblaciones históricas de CR y CB. En comparación, los tamaños efectivos de la población calculados a través de la tasa individual de parentesco de las poblaciones históricas de CR y CB fueron de 20.08 y 28.90, respectivamente.

Tabla 4. Los resultados estadísticos para el tamaño efectivo de la población se calculan sobre la base de la tasa de consanguinidad individual, la tasa de ascendencia individual y el número de subpoblaciones equivalentes.

Parámetro	Ca de Bestiar (CB n=385)	Ca de Rater (CR n=1810)
Tamaño efectivo de la población basado en la tasa de consanguinidad individual	384,62	54,35
Tamaño efectivo de la población basado en la tasa de ascendencia individual	28,90	20,08
Número de subpoblaciones equivalentes	0,075	0,37

Relaciones entre propietarios y criadores

Se consideraron un total de 67,161 y 19,306 distancias genéticas de Nei cuando el criterio de estratificación fue el propietario para CR y CB, respectivamente. La distancia genética promedio de Nei fue de 0.103 y 0.274 para los propietarios de CR y CB, respectivamente. En cambio, para criador, ubicación del criador y ubicación del propietario, este parámetro fue de 0.074 y 0.038, 0.021 y 0.042, y 0.025 y 0.072 para CR y CB, respectivamente. El número de subpoblaciones equivalentes para todos los conjuntos de población fue de 0.370 y 0.075 para CR y CB, respectivamente (Tabla 4). El número promedio de CR por criador, ubicación del criador, propietario y ubicación del propietario fue de 24.133, 56.563, 4.919 y 24.795, respectivamente, mientras que el número promedio de CB por criador, ubicación del criador, propietario y ubicación del propietario fue de 22.647, 12.031, 1.944 y 7.549, respectivamente. El coeficiente medio de parentesco dentro de las subpoblaciones para CR criador, ubicación del criador, propietario y ubicación del propietario fue de 0.086, 0.050, 0.116 y 0.034, respectivamente. Para el CB, el coeficiente medio de parentesco dentro de las subpoblaciones para criador, ubicación del criador, propietario y ubicación del propietario fue de 0.051, 0.034, 0.283 y 0.080, respectivamente (Tabla 5).

Tabla 5. Resumen de los estadísticos de fijación de Wright

Parámetros	Ca de Bestiar			
	Criador	Localización Criador	Propietario	Localización Propietario
F_{IS} (Coeficiente de endogamia relativo a la subpoblación)	-0.051	-0.0323	-0.390	-0.084
F_{ST} (Correlación entre gametos aleatorios extraídos de la subpoblación en relación con la población total)	0.0427	0.0255	0.276	0.072
F_{IT} (coeficiente de consanguinidad relativo a la población total)	-0.006	- 0.006	-0.006	-0.006
Endogamia media dentro de las subpoblaciones	0.0027	0.0027	0.003	0.003
Número medio de animales por subpoblación	22.647	12.031	1.944	7.549
Numero de distancias genéticas de Nei	120	21	19306	1225
Distancia genética promedio de Nei	0.042	0.025	0.274	0.072
Coascendencia media dentro de las subpoblaciones	0.051	0.034	0.283	0.080
Autocoancestría	0.501	0.501	0.501	0.501
Coancestría media en la metapoblación	0.009	0.009	0.009	0.009
Subpoblaciones	17	8	198	51

Parámetros	Ca Rater			
	Criador	Localización Criador	Propietario	Localización Propietario
F_{IS} (Coeficiente de endogamia relativo a la subpoblación)	-0.082	-0.041	-0.118	-0.023
F_{ST} (Correlación entre gametos aleatorios extraídos de la subpoblación en relación con la población total)	0.075	0.0383	0.105	0.021
F_{IT} (coeficiente de consanguinidad relativo a la población total)	-0.001	-0.001	-0.001	-0.001
Endogamia media dentro de las subpoblaciones	0.012	0.012	0.012	0.012
Número medio de animales por subpoblación	24.133	56.563	4.919	24.795
Numero de distancias genéticas de Nei	2701	465	67161	2556
Distancia genética promedio de Nei	0.074	0.038	0.103	0.021
Coascendencia media dentro de las subpoblaciones	0.086	0.050	0.116	0.034
Autocoancestría	0.506	0.506	0.506	0.506
Coancestría media en la metapoblación	0.013	0.013	0.013	0.013
Subpoblaciones	75	32	368	73

La coancestría media en la metapoblación y la autoancestría reportaron valores de 0.013 y 0.506 para todas las subdivisiones de la población (criador, ubicación del criador, propietario y ubicación del propietario) para CR, mientras que estos valores fueron de 0.009 y 0.501, respectivamente, para todas las subdivisiones de la población (criador, ubicación del criador, propietario y ubicación del propietario) para CB. El análisis de la estructura de la población a través de las estadísticas de fijación de Wright (Tabla 5) informó que el coeficiente de endogamia de un individuo en relación con la población total (FIT) fue de -0.001 y -0.006 para todas las subpoblaciones y criterios considerados. El coeficiente de endogamia de un individuo en relación con la subpoblación (FIS) varió desde -0.390 para las subpoblaciones de la raza CB cuando se siguió el criterio del propietario hasta un máximo de -0.023 para las subpoblaciones de CR cuando se consideró el criterio de ubicación del propietario (Tabla 5).

La correlación entre los gametos aleatorios extraídos de la subpoblación en relación con la población total (FST), es decir, el efecto de las subpoblaciones en comparación con la población total alcanzó un valor máximo de 0.276 para la subdivisión o criterio de estratificación del propietario en CB y un mínimo de 0.021 para la subdivisión o criterio de estratificación de la ubicación del propietario en CR.

El análisis de la estructura de propietarios y criadores reveló que ninguno de ellos podía considerarse como el núcleo de la población. Descubrimos que el 100% de los propietarios utilizaban sementales foráneos en ambas razas, y ninguno de ellos podía considerarse totalmente aislado. En total, 173 propietarios utilizaron el porcentaje máximo de padres propios (66.67%) para la raza CB, mientras que 315 propietarios utilizaron el porcentaje máximo de padres propios (25.00%) para la raza CR.

En total, 29 pares de propietarios de CR presentaron la distancia genética más larga, que fue de 0.547. Por otro lado, 236 pares de propietarios de CB estaban distanciados por la distancia genética más larga (0.508). Las Figuras S1 y S2 muestran cuatro dendrogramas que representan todas las relaciones entre las poblaciones considerando los criterios de propietario y criador tanto para CR como para CB. Los dendrogramas de criadores

coinciden con los patrones de la parte inicial de cada dendrograma de propietarios, ya que constituyen la base a partir de la cual la población de cada raza se derivó históricamente. La Figura 3 representa la conexión entre las áreas territoriales de los criadores. En el caso de CR, se pudieron observar dos corrientes principales. La primera iba desde el norte de Mallorca hacia el suroeste, mientras que la segunda cruzaba horizontalmente la isla, formando un flujo bidireccional de este a oeste y viceversa. Para CB (Figura 3), se formó una corriente ascendente desde la región sureste de la isla hacia arriba. Este flujo de animales luego cruzaría la isla diagonalmente, terminando en dos ubicaciones en los territorios del suroeste de Mallorca, mostrando así una distribución notablemente más dispersa que la estructura de criadores de CR.

Impacto Funcional en Parámetros Demográficos y de Diversidad

La Tabla S3 muestra un resumen de las estadísticas descriptivas de los parámetros de diversidad genética de la población para las poblaciones históricas y actuales de las razas CR y CB. Los resultados derivados de las pruebas U de Mann-Whitney y las pruebas t de medianas independientes (Tabla S4) indican que todas las estadísticas de diversidad genética de la población difirieron entre funcionalidades.

Tabla S3. Resumen de las estadísticas descriptivas de los parámetros poblacionales de diversidad genética para las razas Ca de Rater y Ca de Bestiar.

Raza	Parameter	F, %	ΔR, %	C, %	NRM	Generaciones máximas	Generaciones completas	Generaciones equivalentes	ΔF, %	GCI
Ca de Rater	Media	0.01	0.02	0.01	0.00	2.35	1.04	1.50	0.01	2.98
	Error Estánar Medio	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.02	0.03	0.00	0.05
	Mediana	0.00	0.02	0.01	-0.01	2.00	1.00	1.50	0.00	2.29
	Moda	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00	1.00	1.00	0.00	2.00
	Desviación Estándar	0.04	0.02	0.01	0.04	2.09	0.79	1.09	0.05	1.96
	IQR	0.26	0.08	0.04	0.29	8.00	4.00	5.04	0.44	10.80
	Mínimo	0.00	0.00	0.00	-0.04	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00
	Máximo	0.26	0.08	0.04	0.25	8.00	4.00	5.04	0.44	11.80
	Sum	20.82	45.05	22.52	-1.77	4248.00	1890.00	2722.77	16.65	5385.98
	Percentil 25	0.00	0.01	0.00	-0.02	1.00	1.00	1.00	0.00	1.78
	Percentil 75	0.00	0.04	0.02	0.00	3.00	1.00	2.13	0.00	3.62
Ca de Bestiar	Media	0.00	0.02	0.01	-0.01	1.72	0.53	0.89	0.00	1.99
	Error Estánar Medio	0.00	0.00	0.00	0.00	0.11	0.03	0.05	0.00	0.06
	Mediana	0.00	0.01	0.01	0.00	1.00	0.00	0.50	0.00	1.33
	Moda	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00
	Desviación Estándar	0.02	0.02	0.01	0.02	2.21	0.62	0.98	0.01	1.25
	IQR	0.13	0.06	0.03	0.14	7.00	2.00	3.72	0.05	5.94
	Mínimo	0.00	0.00	0.00	-0.03	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00
	Máximo	0.13	0.06	0.03	0.11	7.00	2.00	3.72	0.05	6.94
	Sum	1.04	6.65	3.32	-2.32	663.00	205.00	341.69	0.49	767.92
	Percentil 25	0.00	0.00	0.00	-0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00
	Percentil 75	0.00	0.03	0.01	0.00	3.00	1.00	1.75	0.00	2.91

Tabla S4. Resumen de los resultados de la prueba U de Mann Whitney y la prueba de Mediana Independiente para detectar diferencias en la mediana de parámetros poblacionales de diversidad genética entre ambas razas/funcionalidades.

	F, %	ΔR, %	C, %	NRM	Generaciones máximas	Generaciones completas	Generaciones equivalentes	ΔF, %	GCI
Total, N	2195.000	2195.000	2195.000	2195.000	2195.000	2195.000	2195.000	2195.000	2195.000
Mann-Whitney U	315846.50	282642.00	282642.00	370779.00	266547.00	224355.00	242971.00	315967.50	241374.50
Wilcoxon W	390151.50	356947.00	356947.00	445084.00	340852.00	298660.00	317276.00	390272.50	315679.50
Estadísticos de prueba	315846.50	282642.00	282642.00	370779.00	266547.00	224355.00	242971.00	315967.50	241374.50
Error Estándar	6452.936	11285.123	11285.123	11285.123	11100.848	10411.539	11152.646	6452.992	11159.834
Estadística de prueba estandarizada	-5.049	-5.829	-5.829	1.981	-7.376	-11.917	-9.456	-5.030	-9.592
Asintótica Sig.(2- prueba lateral)	0.000	0.000	0.000	0.048	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Total, N	2195.000	2195.000	2195.000	2195.000	2195.000	2195.000	2195.000	2195.000	2195.000
Mediana	0.000	0.021	0.011	-0.008	2.000	1.000	1.500	0.000	2.286
Estadísticos de prueba	25.387	29.104	29.104	16.481	10.783	61.473	27.804	25.387	17.359
Grado de libertad	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
Asintótica Sig.(2- prueba lateral)	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000
Corrección de continuidad de Yates Chi-cuadrado	24.534	28.502	28.502	16.029	10.404	60.404	27.199	24.534	16.894
Grado de libertad de corrección de continuidad de Yates	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
Corrección de continuidad de Yates Señal asintótica (prueba bilateral)	0.000	0.000	0.000	0.000	0.001	0.000	0.000	0.000	0.000

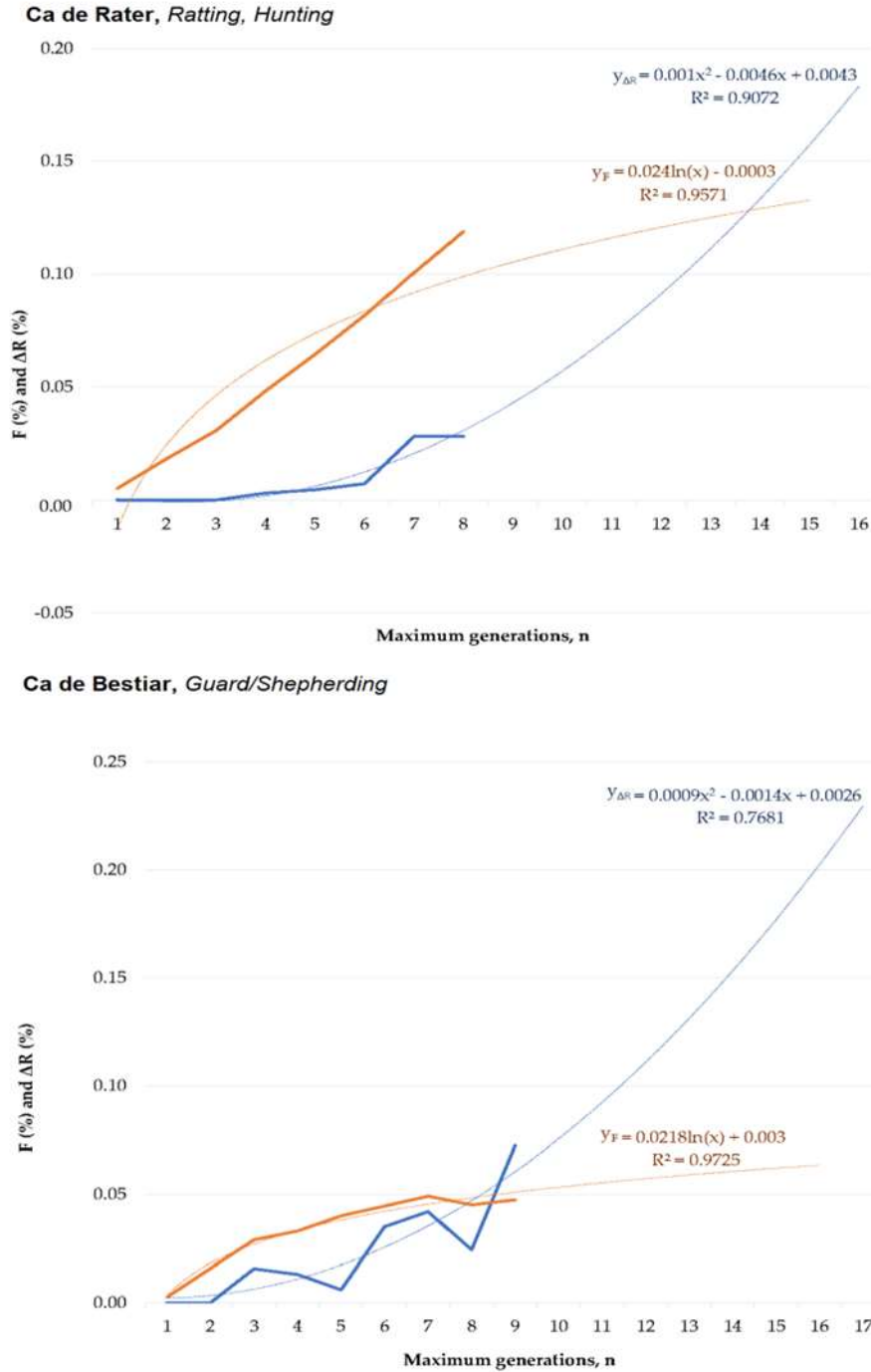


Figura 1. Ecuaciones de regresión logarítmica y cuadrática para la consanguinidad media (F) y los coeficientes de parentesco (ΔR) de la primera a la quinta generación y la consanguinidad predicha (F) y los coeficientes de parentesco (ΔR) de la sexta a la 15ª generación en las razas caninas Ca de Rater (CR) y Ca de Bestiar (CB).

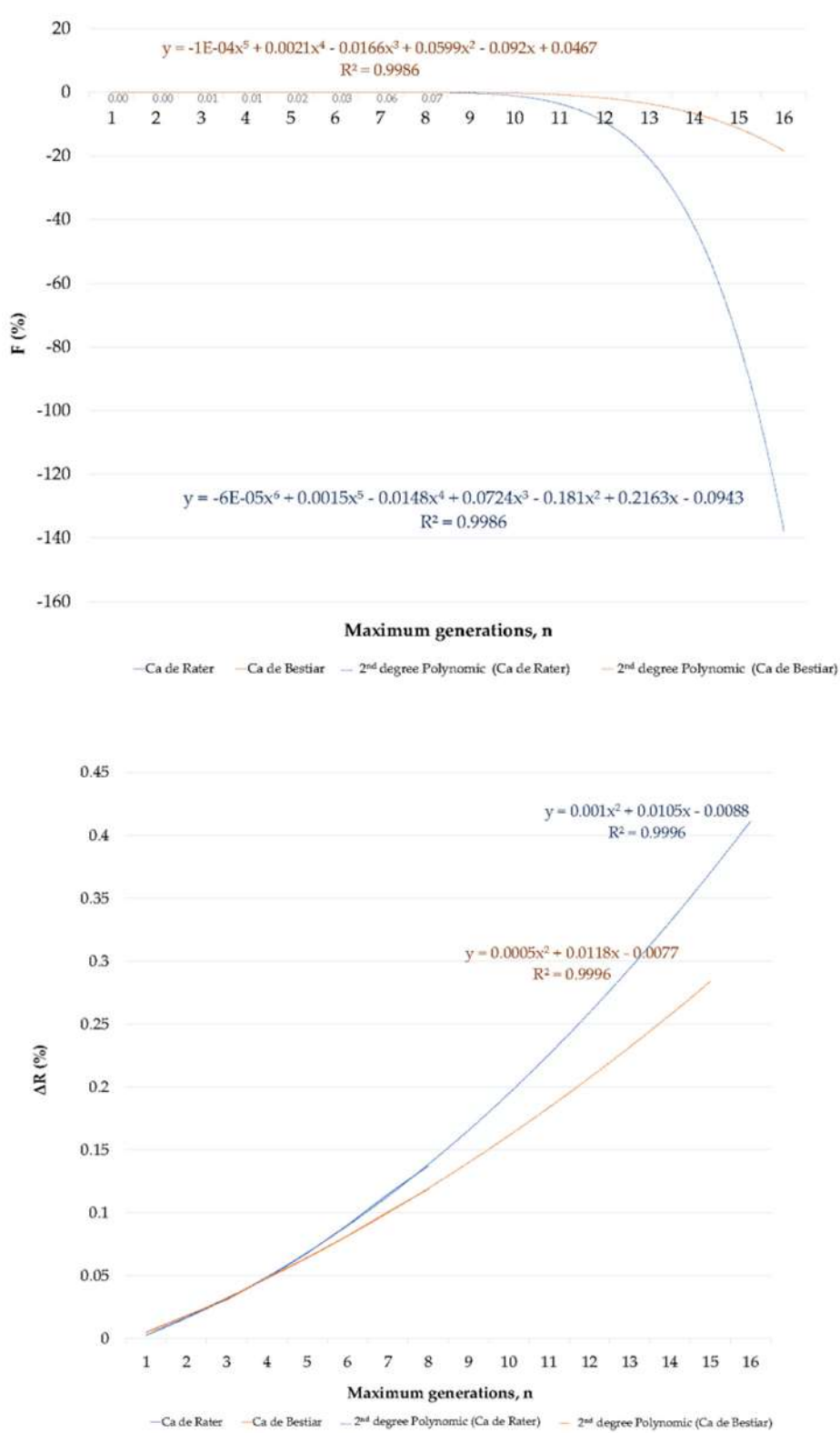
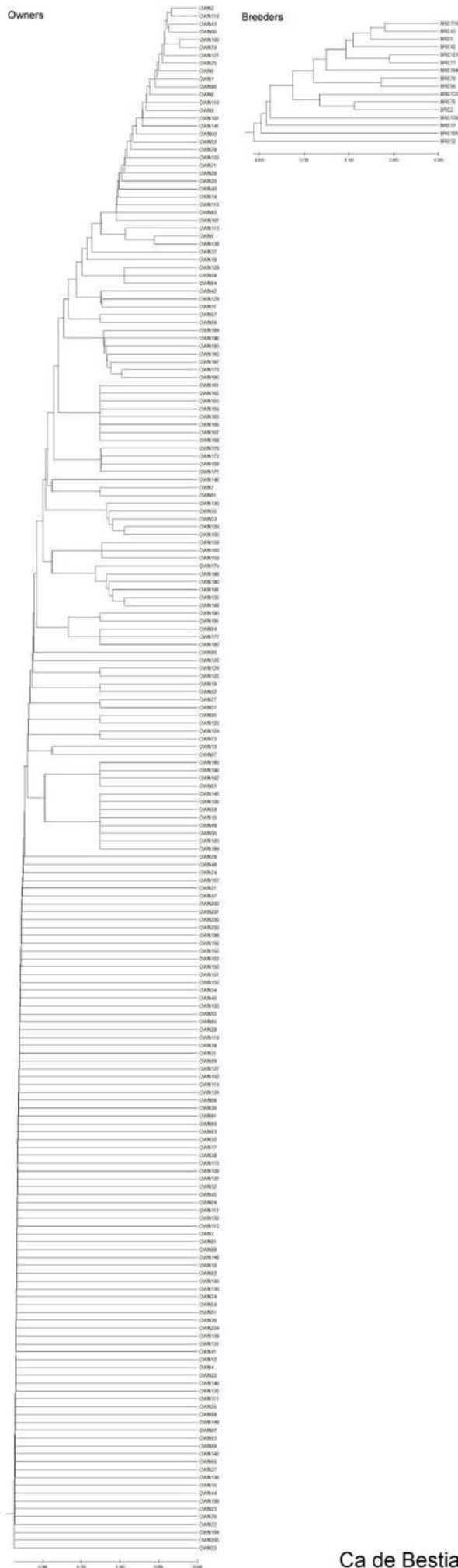


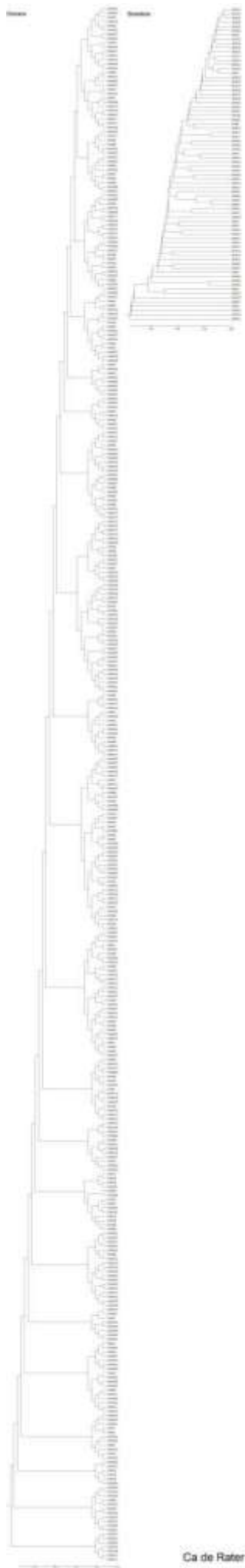
Figura 2. Análisis comparativo de las ecuaciones de regresión cuadrática (polinómica de segundo grado) para la consanguinidad media (F) y los coeficientes de parentesco (ΔR) de la primera a la quinta generación y la consanguinidad predicha (F) y los coeficientes de parentesco (ΔR) de la sexta a la 15^a generación en las razas caninas Ca de Rater y Ca de Bestiar.



Figura 3. Mapas de conexión de ubicación de criadores para las razas Ca de Rater y Ca de Bestiar.

Figuras S1 y S2. Dendograma criadores y propietarios Ca Bestiar y Ca Rater





Discusión

El número de nacimientos registrado en la genealogía de las razas de perros CR y CB describe una tendencia evolutiva irregular (Figura 4). Los picos en el número de nacimientos en CR tuvieron lugar después del reconocimiento oficial por parte de la Conselleria de Agricultura y Pesca del Gobierno Balear, que ocurrió el 30 de diciembre de 2002 (en 2003 y 2007). Este pico de 2007 coincide con el primer pico de CB, seguido por un segundo pico en 2009. Durante estos años, la actividad de estas asociaciones aumentó debido a competiciones morfológicas y monográficas para dar a conocer su actividad y promover las razas autóctonas del archipiélago, lo que podría explicar dicho aumento.

Los niveles de completitud del pedigrí fueron más bajos que los informados por Leroy et al. [36], quienes reportaron niveles aproximados comunes del 100% para la quinta generación en razas internacionalmente reconocidas (no aisladas ni en peligro de extinción). Los niveles más bajos encontrados en las razas autóctonas en este estudio pueden derivarse de su estado en peligro de extinción y la falta de gestión genética en ambas razas, ya que las estructuras oficiales fueron reconocidas hace relativamente poco tiempo. Contrariamente, nuestros resultados para el PCI (alrededor del 60%) pueden estar en línea con los de Cecchi et al. [37] para animales pertenecientes a razas de perros reconocidas internacionalmente, como Labrador, Golden Retriever y Pastor Alemán, utilizados como perros guía. Estos resultados sugieren la aplicación colateral de ciertas razas con fines que pueden diferir de su consideración como mascotas, lo que puede condicionar el registro de información genealógica de estos animales, ya que, en este último caso, otros factores, como la conformación, pueden ser considerados potencialmente de manera más significativa.

Los bajos niveles de PCI encontrados contrastan con los niveles informados para el contexto común de razas de perros reconocidas internacionalmente, que pueden disfrutar de una mayor popularidad a nivel mundial. Contextualmente, los bajos niveles de PCI para la quinta generación pueden derivarse del hecho de que los programas de gestión genética de ambas razas aún están en sus primeras etapas de desarrollo. Las estrategias de conservación implementadas en ambas razas comenzaron con un bajo número de efectivos en los que apoyar las estructuras de gestión (libro de registro, asociación, entre otros), que tienen solo

alrededor de 10 a 15 años, incluso si se puede encontrar una gran tradición de cría de estas razas en el archipiélago antes del reconocimiento de la raza [36]. Esto puede respaldarse por el hecho de que el número medio de generaciones equivalentes se mantuvo con el tiempo, como sugirió Marín et al. [38].

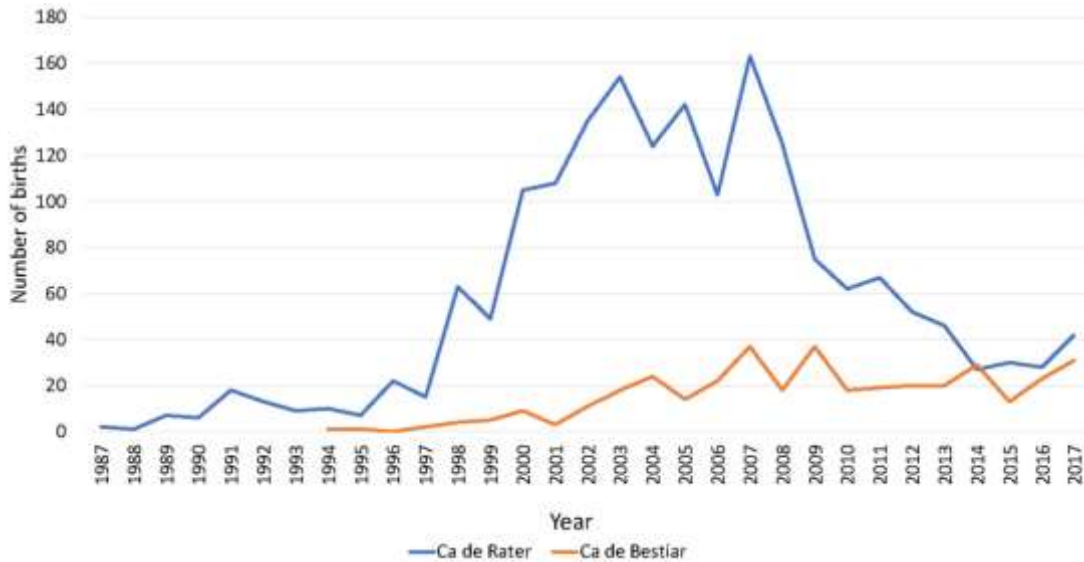


Figura 4. La evolución del número de nacimientos desde 1987 hasta 2018 para las razas de perros Ca de Rater y Ca de Bestiar se muestra a continuación.

Las generaciones máximas, completas y equivalentes en CB fueron significativamente más bajas que los valores reportados para CR (Tablas S3 y S4; Figura 5). El número medio de generaciones equivalentes (EqG) para ambas razas fue inferior al observado para el Italian Bracco por Cecchi et al. [39], para el Braque Français tipo Pyrénées por Cecchi et al. [40] y para el Ca Mè por Marín et al. [38], siendo este último el que comparte condiciones de aislamiento territorial similares a las razas de nuestro estudio. Estas razas difirieron de las de nuestro estudio en cuanto a su aplicación en la caza en comparación con las aplicaciones de rateo/mascota y pastoreo/guarda de CR y CB, respectivamente, lo que podría haber condicionado los resultados. En línea con nuestros resultados, el estudio de Leroy et al. [36] informó EqG similares en razas con un trasfondo conocido de pastor/guardián a aquellos informados para el límite superior encontrado para el CB.

Los dendrogramas de criadores establecen la base histórica de los dendrogramas de propietarios; por lo tanto, las estructuras de los grupos de criadores se pueden inferir para

construir la estructura esquelética de la red de grupos de propietarios (Figuras S1 y S2). Ambas razas fueron predominantes en torno al centro de la isla frente a las zonas costeras, ya que es en estas zonas es donde más desarrolla su aptitud funcional, ligada a los sistemas de producción (ganadería y cotos de propiedad privada) y a los hábitos ocupacionales de la población (casas de veraneo).

Los intervalos generacionales se asemejaron a los valores encontrados por Leroy et al. [36] para Basset Fauve de Bretagne, Bulldog Francés, Dogo de Burdeos, Barbet, Pastor de los Pirineos, Beauceron, Epagneul Bretón y Perro de Montaña de los Pirineos, y fueron de alguna manera menores que los encontrados por Leroy et al. [41] y Cecchi et al. [40] para las razas reconocidas por la Fédération Cynologique Internationale (FCI). Los perros de caza informaron los intervalos generacionales más largos, lo que puede basarse en el tiempo que los criadores dedican a probar el rendimiento de los animales antes de elegir a su descendencia para la próxima generación [38]. Los perros de guarda [36] informaron en promedio valores similares de 5, que fueron similares a los encontrados en la población actual de CB. Intervalos generacionales más cortos para el Bulldog Francés y el CR pueden estar relacionados con su aplicación como mascotas, lo que podría hacer que las pruebas de rendimiento ocupen una posición secundaria o irrelevante.

En general, los intervalos generacionales promedio fueron ligeramente más largos para las crías macho (a través tanto del padre como de la madre) que, para las crías hembra, siendo el valor más alto reportado para la vía gamética del padre al hijo en la población actual de CB. Esto puede deberse al mayor número de perros machos cuya edad al momento del nacimiento de su descendencia estaba por encima de la media en comparación con las perras. Se ha informado de cierta preferencia por perros de un sexo en particular, posiblemente basada en una percepción de superioridad dimórfica en algunos rasgos deseados, lo que podría condicionar el tiempo que los criadores dedican a determinar la validez de un animal en particular como animal reproductor. Por ejemplo, se informa comúnmente que los machos son más audaces, impulsivos y agresivos que las hembras, quienes tienden a aprender más rápido, ser de alguna manera menos territoriales y más dóciles. Las diferencias en audacia y timidez son predictores reconocidos del rendimiento en perros de trabajo, siendo los animales más audaces siendo los animales más audaces los que obtienen mejores resultados [42]. La

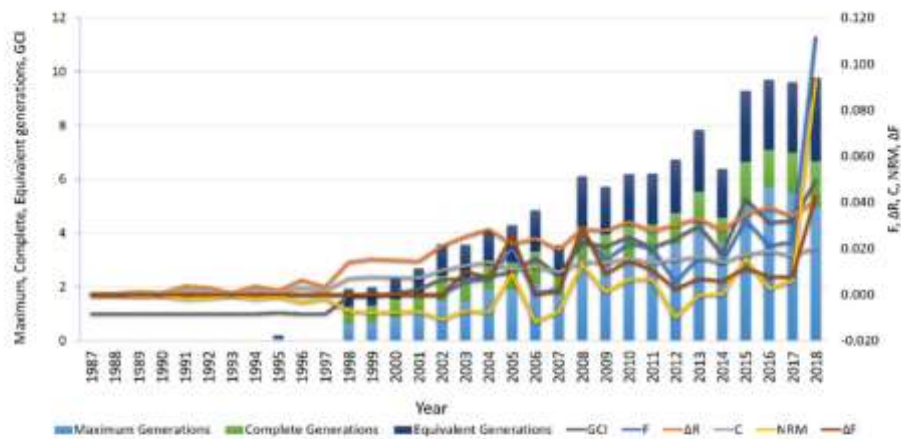
audacia es una característica individual que proporciona menos aversión al riesgo o a lo novedoso, lo que permite al individuo buscar activamente y participar en interacciones sociales cooperativas y competitivas [43]. Esto refleja las opiniones recientemente informadas de los cuidadores de perros de trabajo en granjas, quienes identificaron la audacia en sus perros como una característica deseable. Por otro lado, aunque es posible que los perros machos y hembras difieran en audacia, hay evidencia limitada de diferencias de género en el estilo de pastoreo de los perros de trabajo en granjas [44]

Las políticas de los criadores indican el uso de ciertos machos o hembras que pueden ser más populares entre los individuos en la población. En contexto, tener una tasa de reemplazo baja podría contribuir a la elongación de las generaciones, algo que se ha informado en otras razas de perros o equinos en peligro de extinción [20]. Ambas especies, equinos y caninos, pueden compartir ciertas similitudes en cuanto a la sobre consideración del valor proporcionado por los ancestros y el efecto condicionante de dicho valor ancestral en la relevancia de los individuos en la población actual.

Se informó un número ligeramente mayor de hembras que de machos seleccionados para la cría en ambas razas. Sin embargo, la proporción de hembras a machos se invirtió en CB, lo que sugiere un cierto interés por parte de los criadores y propietarios en los machos de la raza CB, que presumiblemente podría estar relacionado con su aplicación como animales de guarda o pastoreo. En la naturaleza, para los machos, la relación defensa territorial versus acceso al éxito de las hembras puede estar equilibrada por el éxito reproductivo, mientras que las hembras tienen menos ventajas directas de esta relación; por lo tanto, la energía invertida en la defensa puede ser restada por las funciones relacionadas con los comportamientos específicos del sexo ligados a la reproducción [43]. Los mismos autores sugirieron que los perros machos tienden a ser más sociales y a participar más en el contacto perro/humano que las hembras, aunque, en el comportamiento cooperativo al intentar resolver un problema, se ha encontrado la tendencia opuesta. Estas características pueden condicionar la preferencia de los criadores cuando el criterio de selección es el rendimiento para un resultado específico, como la guarda [43] como ya se discutió. Sin embargo, los cazadores no informaron diferencias entre machos o hembras en el rendimiento de caza [45], incluso si se sugirió cierta interacción entre el sexo de la raza condicionante,

encontrándose que los Dachshunds y West Highland White Terriers machos son significativamente más adiestrables que las hembras de las mismas razas [46].

Ca de Rater, Ratting/Hunting



Ca de Bestiar, Guard/Shepherding

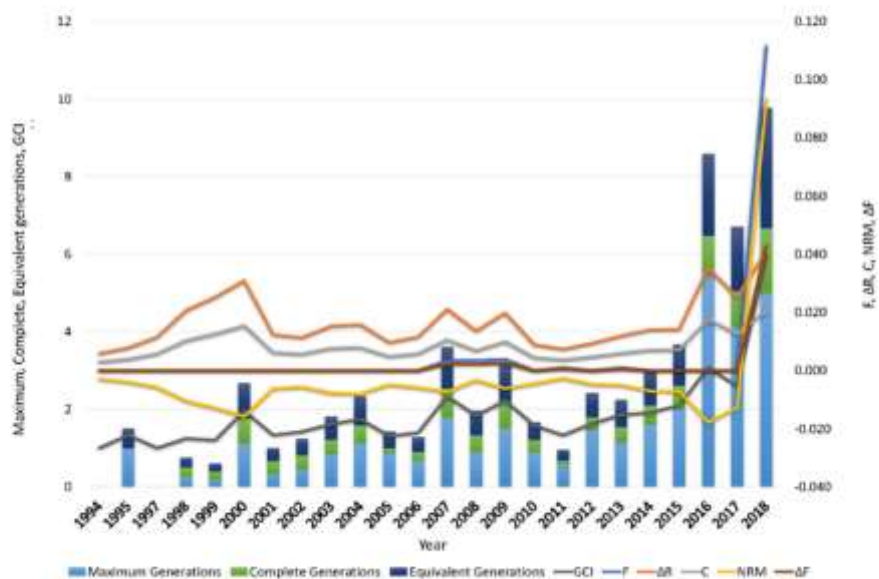


Figura 5. Tendencias para los estimadores de identidad por descendencia (F, C, ΔF), ΔR , grado de apareamiento no aleatorio (NRM) e índice de conservación genética (GCI) desde 1987 hasta 2018 para las razas de perros Ca de Rater y Ca de Bestiar.

Se ha informado que el apareamiento entre perros que están relacionados más allá de primos segundos ($F < 0.0156$) ocurre en poblaciones pequeñas y territorialmente aisladas, como las que se encuentran en nuestro estudio, según lo sugerido por Marin et al. [38]. Sin embargo, estos valores deben considerarse con precaución, ya que bajos niveles de índices de completitud de pedigrí para la quinta generación pueden indicar que los estimadores de diversidad están subestimados. Por ejemplo, Marin et al. [38] informaron valores de F más altos para Ca Mè, los cuales fueron respaldados por niveles considerablemente mayores de PCI a lo largo de las generaciones. Esto puede deberse a la mayor importancia del conocimiento de la genealogía en perros de caza en comparación con perros de guarda o incluso perros domésticos sin una funcionalidad marcada. Según Navas et al. [20] niveles remotos de endogamia pueden no determinar un impacto relevante en la salud, aunque aún pueden dar lugar a un marcado aumento en los niveles de homocigosis, que a menudo se busca cuando la raza se define de acuerdo con cierto estándar, ya sea morfológico, funcional o zootécnico.

En nuestro estudio, los niveles de endogamia mostraron una tendencia creciente que se estabilizó alrededor de 14 generaciones máximas para CR y ocho generaciones máximas para CB (Figura 1). Esto contrasta con los niveles de ΔR , que aumentaron a lo largo de los años, describiendo una curva bastante exponencial, lo que puede sugerir un aumento progresivo en el uso de animales relacionados por parte de los criadores para obtener sus camadas (Figura 2). Los valores de F y ΔR se encuentran dentro del rango de valores informados por Leroy et al. [41] para 61 razas. Estos autores sugirieron que F variaba desde 0.2% para el Czechoslovakian Wolfdog hasta 8.8% para el Pyrenean Shepherd. Específicamente, los valores de CB fueron los mismos que los informados por el Romagna Water Dog, mientras que los valores de CR fueron los mismos que los informados por el Mastín Italiano. Los niveles de ΔR variaron desde 0.4% para el caniche hasta 8.8% para el Braco de Saint Germain, mientras que CB informó los mismos valores que el Cairn Terrier y CR informó los mismos valores que el Cavalier King Charles Spaniel. Estos resultados sugieren una conexión ancestral más débil en razas con una aplicación notable como mascotas en comparación con aquellas con una funcionalidad distintiva como caza, pastoreo o guarda.

Todos los parámetros de diversidad difirieron de manera altamente estadística entre los perros de guarda/pastoreo y los perros de caza/rateo/mascotas (Tablas S3 y S4) siendo que estos últimos reportaron el doble de valores para F , ΔR , ΔF y GCI. Pedersen et al. [7] sugirieron que los parámetros de diversidad de las razas de tipo conformación difieren de aquellas razas ampliamente utilizadas para el rendimiento, siendo que estas últimas se agrupan más estrechamente con los perros de su entorno. Los mismos autores concluyeron que, en comparación con los perros de su entorno, todos los perros de raza modernos exhiben una reducción en la diversidad genética, que es aún más reducida entre las razas seleccionadas para espectáculos/conformación, lo que sugiere que la selección para el rendimiento puede actuar como un promotor de la diversidad.

Considerando el aislamiento histórico territorial a la que han estado expuestos los CR y CB, podría haberse intentado una sólida interconexión entre los recursos genéticos disponibles mediante la implementación de prácticas de cría apropiadas, como sugieren los resultados de apareamiento no aleatorio en CR, que podrían considerarse en equilibrio genético. Esto puede sugerir que esta población estará equilibrada en cuanto ninguna influencia externa intervenga, como la selección, que pueda promover el aumento de las tasas de mutación. Los valores negativos para el CB pueden implicar que el apareamiento entre los animales puede no haberse realizado buscando características fenotípicas, fanerópticas o funcionales particulares. Estos valores contrastan con los obtenidos para Ca Mè por Marín et al. [38], cuyo valor positivo de 0.02 podría implicar que se buscaron ciertas características a lo largo de la trayectoria de la raza, como patrones de pelaje específicos deseables como complemento de una mayor adaptabilidad o idoneidad de los animales para la caza.

El número de subpoblaciones equivalentes por debajo de 2 indica una alta estructuración de ambas poblaciones (0.37 y 0.075 para CR y CB, respectivamente), cuyos valores fueron más bajos que los encontrados para Ca Mè [38]. Según Fernández et al. [47], mantener poblaciones subdivididas tiene la ventaja de un riesgo reducido de extinción derivado de posibles catástrofes naturales o factores relacionados con la salud, ya que estos eventos solo pueden afectar a grupos individuales reducidos. De manera similar, niveles más altos de diversidad genética pueden haberse alcanzado cuando una cierta población se dividió en el tiempo en tantos grupos como fuera posible, considerando que la subdivisión en líneas

puede ser perjudicial debido al tamaño efectivo más pequeño de cada sublínea, lo que podría traducirse en un mayor nivel de endogamia.

El valor de FST igual a cero sugiere que no hay estructuración o subdivisión poblacional, es decir, panmixia completa o apareamiento aleatorio. El concepto de panmixia se opone al concepto de apareamiento asortativo o no aleatorio (Tabla 2). Se ha informado que la panmixia a través de un débil apareamiento selectivo positivo es típica en poblaciones animales naturales, mientras que el apareamiento desasortativo es raro o está ausente [48], como se informa para CB (Tabla 2). En este contexto, se puede considerar que el retrocruzamiento repetido es una aplicación particular del apareamiento desasortativo [49]. Generalmente, la selección disruptiva favorecerá indirectamente el apareamiento asortativo positivo para evitar la producción de descendencia menos apta; por el contrario, la selección estabilizadora favorecerá el apareamiento negativo [50]. Además, por razones similares, el apareamiento no aleatorio puede evolucionar en respuesta a la depresión por endogamia o exogamia [51].

Un valor de uno para FST implica que toda la variación genética está explicada por la estructura poblacional, condicionada principalmente por la existencia de barreras para el flujo génico (geográficas, lingüísticas, socioculturales e incluso económicas) y, por lo tanto, que las dos poblaciones examinadas no comparten ninguna diversidad genética. A nivel de raza, siempre se espera que los valores de FST estén por debajo de 0.05, ya que este puede ser el límite inferior para la diferenciación de especies. Sin embargo, el cálculo de los valores de FST puede proporcionar información muy importante sobre las relaciones entre subdivisiones genéticas de menor escala de una población, como razas o variedades, o aquellas vinculadas a características específicas como el color del pelaje o incluso la funcionalidad.

Esto se vuelve aún más evidente cuando los valores de FST se interpretan de manera comparativa con los valores de FIS. A nivel de raza (en el contexto de FST por debajo de 0.05), cuando el propietario, el criador y sus ubicaciones se consideran como criterios de subdivisión de la población, los valores negativos de FIS pueden indicar la existencia de un cierto desequilibrio en las políticas de cría que favorecen una tasa de apareamiento inesperadamente bajo de animales no relacionados bajo un modelo de apareamiento aleatorio. Este desequilibrio puede derivar del hecho de que los criadores y propietarios

pueden tener la tendencia a aparear animales que tienen cualidades estéticas deseables o un rendimiento más alto en diferentes habilidades como una forma de mejorar los cachorros resultantes a través de la complementariedad entre las características o habilidades mostradas por ambos padres, lo que también fue respaldado por los resultados de la prueba U de Mann-Whitney (Tabla S4).

En este contexto, como sugiere indirectamente Robertson [52], si el apareamiento ocurre al azar dentro de una línea o raza, la disminución en la heterocigosidad se produce una generación después de la deriva genética. Esto implica la estabilización de una población de raza cuando se lleva a cabo el apareamiento entre parientes lejanos, o si se evita tanto como sea posible el apareamiento entre parientes cercanos. El apareamiento de parientes lejanos dentro de una línea o raza resulta una endogamia inicial más baja, pero con una tasa final más alta de aproximación al límite, en comparación con cuando se fomenta el apareamiento de parientes cercanos. Para reducir la deriva genética al mínimo, es necesario formar sublíneas permanentes. Si la subdivisión es solo parcial (división en grupos cuyos ancestros inmediatos pueden diferir pero que se vuelven idénticos por descendencia a cierta distancia en el pedigrí), la tasa proporcional de disminución de la heterocigosidad es igual a la tasa de aproximación de la variabilidad genética entre líneas hacia su valor final.

Nuestros resultados fueron respaldados por valores negativos de FIS, lo que podría indicar que los individuos en una subdivisión de la población están menos relacionados de lo que se esperaría bajo un modelo de apareamiento aleatorio. Esto podría explicarse por las políticas de cría restrictivas que se esperan de los criadores de perros, las cuales pueden reforzarse en condiciones de aislamiento territorial, como las que se encuentran en el área de expansión de estas razas.

Según Calboli et al. [53], las razas de pastoreo pueden caracterizarse por un porcentaje de fundadores superior al 6%, mientras que este parámetro se reduce al 2-3% en perros de caza. En el caso de las razas consideradas en nuestro estudio, el número efectivo de fundadores estaba dentro del rango de valores informado por Leroy et al. [36]. Sin embargo, los valores eran aproximadamente tres veces más altos en CB y 0.5 veces más altos en CR en comparación con los valores informados por Marín et al. [38] para Ca Mè.

La proporción de fa/fe sugiere que la información genética de los fundadores se ha preservado a lo largo del tiempo. En nuestro estudio, los valores oscilaron entre 0.30 en CB y 0.55 en CR, valores similares a los informados para razas francesas por Leroy, et al. [41]. El estudio de Voges, et al. [54] mostró que los cuellos de botella encontrados en razas de perros tenían un mayor impacto cuando presentaban una proporción fa/fe más baja, lo que representaba una mayor diferencia entre fundadores y ancestros (ancestros sin genealogía conocida o con genealogía conocida/parcialmente conocida).

Estos resultados evidencian que los genotipos fundadores siguen siendo representativos en las poblaciones actuales de CB y CR. Los valores encontrados para ambas razas también sugieren que, aunque puede haber ocurrido cuellos de botella, no han tenido un efecto. Los cuellos de botella no necesariamente conducen o salvan a una población de una raza de la extinción. Una pérdida de diversidad como resultado de cuellos de botella en las poblaciones podría manifestarse a partir de las dos opciones descritas. Así, simultáneamente con esta pérdida de diversidad, las mutaciones perjudiciales podrían haber sido tanto eliminadas como fijadas en la población, lo que podría haber llevado tanto al saneamiento de las poblaciones como a un aumento en la amenaza de extinción a la que están expuestas las razas [20].

En este contexto, según Broeckx [55], una vez que se han definido los objetivos reproductivos que abarcan el marco específico de las razas de perros y se han identificado los problemas para esas poblaciones particulares, el enfoque para buscar y alcanzar posibles soluciones es similar, ya que siempre parte de la identificación de fenotipos (deseables) y el genotipo detrás de ellos.

En ocasiones, la subdivisión puede derivar de las políticas reproductivas seguidas históricamente por los criadores, como sugieren Marín et al. [56] y Marín et al. [57]. En este sentido, la planificación del apareamiento puede involucrar a ciertos animales que destacan por una característica fenotípica o funcional particular, aunque esto puede no haber sido el caso para el CR y el CB, según lo indicado por el grado de apareamiento no aleatorio encontrado. Por ejemplo, los propietarios y criadores de CR y CB pueden haber desarrollado históricamente prácticas de cría intra-subpoblacionales que alternativamente promovieron la desconexión genealógica de los animales que participan en el apareamiento, lo que puede

favorecer la diversidad genética. Estos objetivos difieren según el contexto social de cada raza, pero se pueden lograr siguiendo dos enfoques opuestos: selección en contra de características indeseables o promoción de las deseables.

Conclusiones

La consolidación de estructuras de gestión genética como los registros genealógicos o asociaciones promueve un aumento en el número de efectivos y su información genealógica en razas en peligro de extinción. Los fines de guarda o caza pueden condicionar un mayor registro de información genealógica, dado que el valor de los ancestros puede considerarse una evidencia del valor potencialmente superior de los individuos. Los animales de caza necesitan intervalos de tiempo más largos hasta que se seleccionan para la cría, y la información genealógica en los animales de caza puede ser más completa que en razas de compañía, de rateo o de guarda/pastoreo. Los intervalos generacionales de los perros de guarda sugieren que pueden preferirse sobre las perras, lo que puede basarse en su especial idoneidad para desarrollar tareas de guarda. La selección para el rendimiento puede actuar como un promotor de la diversidad. La funcionalidad de la raza y, por lo tanto, su contexto social, pueden condicionar si las políticas de cría se centran en la selección en contra de características indeseables o en la promoción de las deseables. Elegir una alternativa u otra puede depender de si el rendimiento, independientemente de la tarea que se requiera que realicen los perros, está entre los criterios de selección de las razas o no.

Contribuciones de los autores:

Conceptualización, Á.L.P.B., J.V.D.B. y F.J.N.G.; curación de datos, J.M.A.P. y F.J.N.G.; análisis formal, J.M.A.P. y F.J.N.G.; adquisición de fondos, Á.L.P.B.; investigación, Á.L.P.B., M.R.d.l.H.G., J.V.D.B. y F.J.N.G.; metodología, J.V.D.B. y F.J.N.G.; administración de proyectos, J.V.D.B.; recursos, Á.L.P.B.; software, F.J.N.G.; supervisión, Á.L.P.B., J.V.D.B. y F.J.N.G.; validación, Á.L.P.B.; redacción del borrador original, J.M.A.P. y F.J.N.G.; redacción, revisión y edición, Á.L.P.B., M.R.d.l.H.G., J.V.D.B. y F.J.N.G. Todos los autores leyeron y estuvieron de acuerdo con la versión publicada del manuscrito.

Financiación

Esta investigación no recibió ningún subsidio específico de agencias de financiamiento en los sectores público, comercial o sin fines de lucro.

Declaración de la Junta de Revisión Institucional

No aplica.

Declaración de consentimiento informado

No aplica.

Declaración de disponibilidad de datos

Los datos se pondrán a disposición del autor correspondiente previa solicitud razonable.

Reconocimientos

Los autores desean agradecer al Club Ca de Rater Mallorquí, y a la Associació de Criadors i Propietaris del Ca Pastor Mallorquí—Club del Ca de Bestiar y al Serveis de Millora Agroria i Pesquera (SEMILLA) por sus contribuciones y apoyo.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses

Referencias

1. Puigserver i Gil de Sola, G. *Los Animales Domésticos de Raza Autóctona de Mallorca*; Universitat de les Illes Balears: Palma, Spain, 1998.
2. Salvador, L. *Die Balearen in Wort und Bild*; F.A. Brockhaus: Leipzig, Germany, 1869.

3. Payeras, L.; Falconer, J. *Races Autòctones de les Illes Balears*; Govern Balear. Agència per al Desenvolupament Rural: Balearic Islands, Spain, 1998.
4. Anguera, B. *Races Autòctones de les Illes Balears*; Conselleria d'Agricultura i Pesca. Govern de les Illes Balears: Palma, Spain, 2006.
5. De Rosselló, J.M.B. *Noticias Histórico-Topográficas de la isla de Mallorca: Estadística General de ella y Períodos Memorables de su Historia*; Imprenta Real regentada por Juan Guasp y Pascual: Palma de Mallorca, Spain, 1836.
6. Mastrangelo, S.; Biscarini, F.; Auzino, B.; Ragatzu, M.; Spaterna, A.; Ciampolini, R. Genome-wide diversity and runs of homozygosity in the “Braque Français, type Pyrénées” dog breed. *BMC Res. Notes* **2018**, *11*, 13, doi:10.1186/s13104-017-3112-9.
7. Pedersen, N.; Liu, H.; Theilen, G.; Sacks, B. The effects of dog breed development on genetic diversity and the relative influences of performance and conformation breeding. *J. Anim. Breed. Genet.* **2013**, *130*, 236–248.
8. Scott, J.P. The effects of selection and domestication upon the behavior of the dog. *J. Natl. Cancer Inst.* **1954**, *15*, 739–758.
9. Lukanova, N.; Vlaeva, R.; Hristova, D.; Georgieva, S.; Barzev, G. Study on the genetic diversity of trotter horses populations in Bulgaria. *Agrar. Nauk.* **2015**, *7*, 159–165.
10. Sabbagh, M.; Danvy, S.; Ricard, A.; Blouin, C. Tools to Better Manage the Genetic Diversity of Draft Breeds. In Proceedings of the 38ème Journée de la Recherche Équine, Actes de Colloque, Paris, France, 1 March 2012; pp. 169–172.
11. Appliedbiosystems. *User Guide: Canine ISAG STR Parentage Kit (2014)*; Thermo Fisher Scientific: Waltham, MA, USA, 2017.
12. Gutiérrez, J.P.; Marmi, J.; Goyache, F.; Jordana, J. Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. *J. Anim. Breed. Genet.* **2005**, *122*, 378–386.
13. Sargolzaei, M.; Iwaisaki, H.; Colleau, J. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. In Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil, 13–18 August 2006; pp. 13–18.
14. Maignel, L.; Boichard, D.; Verrier, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bull.* **1996**, *14*, 49–49.
15. James, J. A note on selection differential and generation length when generations overlap. *Anim. Sci.* **1977**, *24*, 109–112.
16. Luo, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* **1992**, *24*, 305.
17. Gutiérrez, J.P.; Goyache, F. A note on ENDOG: A computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* **2005**, *122*, 172–176.
18. Leroy, G.; Mary-Huard, T.; Verrier, E.; Danvy, S.; Charvolin, E.; Danchin-Burge, C. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. *Genet. Sel. Evol.* **2013**, *45*, 1–10, doi:10.1186/1297-9686-45-1.
19. Gutiérrez, J.P.; Cervantes, I.; Goyache, F. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.* **2009**, *126*, 327–332, doi:10.1111/j.1439-0388.2009.00810.x.
20. Navas, F.; Jordana, J.; León, J.; Barba, C.; Delgado, J. A model to infer the demographic structure evolution of endangered donkey populations. *Animal* **2017**, *11*, 2129–2138.

21. Cervantes, I.; Goyache, F.; Molina, A.; Valera, M.; Gutierrez, J.P. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *ȷ. Anim. Breed. Genet. ȷ. Tierz. ȷucht.* **2011**, *128*, 56–63, doi:10.1111/j.1439-0388.2010.00881.x.
22. Solomon, E.; Martin, C.; Martin, D.W.; Berg, L.R. *Biology*, 10th ed.; Brooks Cole: Boston, MA, USA, 2015.
23. Wright, S. *Evolution and the Genetics of Populations. Theory of Gene Frequencies*; University of Chicago Press: Chicago, IL, USA, 1969.
24. Oliveira, R.R.; Brasil, L.H.A.; Delgado, J.V.; Peguezuelos, J.; León, J.M.; Guedes, D.G.P.; Arandas, J.K.G.; Ribeiro, M.N. Genetic diversity and population structure of the Spanish Murciano–Granadina goat breed according to pedigree data. *Small Ruminant Res.* **2016**, *144*, 170–175.
25. Lacy, R.C. Analysis of founder representation in pedigrees: Founder equivalents and founder genome equivalents. *ȷoo Biol.* **1989**, *8*, 111–123.
26. Boichard, D.; Maignel, L.; Verrier, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* **1997**, *29*, 5.
27. Santana, M.L.; Bignardi, A.B. Status of the genetic diversity and population structure of the Pêga donkey. *Trop. Anim. Health Prod.* **2015**, *47*, 1573–1580, doi:10.1007/s11250-015-0900-x.
28. Caballero, A.; Toro, M.A. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.* **2000**, *75*, 331–343.
29. Colleau, J.J.; Sargolzaei, M. A proximal decomposition of inbreeding, coancestry and contributions. *Genet. Res.* **2008**, *90*, 191–198, doi:10.1017/S0016672307009202.
30. Cervantes, I.; Goyache, F.; Molina, A.; Valera, M.; Gutiérrez, J.P. Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. *ȷ. Anim. Breed. Genet.* **2008**, *125*, 301–310, doi:10.1111/j.1439-0388.2008.00755.x.
31. Lacy, R.C. Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. *ȷoo Biol.* **1995**, *14*, 565–577, doi:10.1002/zoo.1430140609.
32. Nei, M. *Molecular Evolutionary Genetics*; Columbia University Press: New York, NY, USA, 1987.
33. Kumar, S.; Stecher, G.; Li, M.; Niyaz, C.; Tamura, K. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol. Biol. Evol.* **2018**, *35*, 1547–1549.
34. IBM Corp., I. *IBM SPSS Statistics for Windows*, 25.0; IBM Corp: Armonk, NY, 2017.
35. Gibbons, J.D.; Chakraborti, S. Comparisons of the Mann-whitney, student's t, and alternate t tests for means of normal distributions. *ȷ. Exp. Educ.* **1991**, *59*, 258–267, doi:10.1080/00220973.1991.10806565.
36. Leroy, G.; Rognon, X.; Varlet, A.; Joffrin, C.; Verrier, E. Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data. *ȷ. Anim. Breed. Genet.* **2006**, *123*, 1–9.
37. Cecchi, F.; Bramante, A.; Mazzanti, E.; Ciampolini, R. A colony of dog guides: Analysis of the genetic variability assessed by pedigree data. *Ital. ȷ. Anim. Sci.* **2009**, *8*, 48–50.
38. Marin, C.; Navas, F.; Castillo, V.; Payeras, L.; Gómez, M.; Delgado Bermejo, J.V. Impact of breeding for coat and spotting patterns on the population structure and genetic diversity of an islander endangered dog breed. *Res. Vet. Sci.* **2020**, *131*, 117–130.
39. Cecchi, F.; Paci, G.; Spaterna, A.; Ciampolini, R. Genetic Variability in Bracco Italiano Dog Breed Assessed by Pedigree Data. *Ital. ȷ. Anim. Sci.* **2013**, *12*, e54.

40. Cecchi, F.; Paci, G.; Spaterna, A.; Ragatzu, M.; Ciampolini, R. Demographic approach on the study of genetic parameters in the dog Braque Français type Pyrénées Italian population. *Ital. J. Anim. Sci.* **2016**, *15*, 30–36.
41. Leroy, G.; Verrier, E.; Meriaux, J.-C.; Rognon, X. Genetic diversity of dog breeds: within-breed diversity comparing genealogical and molecular data. *Anim. Genet.* **2009**, *40*, 323–332.
42. Svartberg, K. Shyness–boldness predicts performance in working dogs. *Appl. Anim. Behav. Sci.* **2002**, *79*, 157–174.
43. Scandurra, A.; Alterisio, A.; Di Cosmo, A.; D’Aniello, B. Behavioral and perceptual differences between sexes in dogs: An overview. *Animals* **2018**, *8*, 151.
44. Kydd, E.; McGreevy, P. Sex differences in the herding styles of working sheepdogs and their handlers. *PLoS ONE* **2017**, *12*, e0184072, doi:10.1371/journal.pone.0184072.
45. Lupo, K.D. 2. A dog is for hunting. In *Ethnozoarchaeology: The Present and Past of Human–Animal Relationships*, 1st ed.; Albarella, U., Trentacoste, A., Eds.; Oxbow Books: Oxford, UK, 2011; p. 208.
46. Serpell, J.A.; Hsu, Y.A. Effects of breed, sex, and neuter status on trainability in dogs. *Anthrozoös* **2005**, *18*, 196–207.
47. Fernández, J.; Toro, M.; Mäki-Tanila, A. Management of genetic diversity in small farm animal populations. *Animal* **2011**, *5*, 1684–1698.
48. Jiang, Y. Deviation from panmixia via assortative mating and divergent habitat preferences. Ph.D. Thesis, The University of Texas, Austin, TX, USA, 2014.
49. Bos, I.; Caligari, P. Assortative mating and disassortative mating. In *Selection Methods in Plant Breeding*, 2nd ed.; Bos, I., Caligari, P., Eds.; Springer: Dordrecht, The Netherlands, 2008; pp. 59–67.
50. Jiang, Y.; Bolnick, D.I.; Kirkpatrick, M. Assortative mating in animals. *Am. Nat.* **2013**, *181*, E125–E138.
51. Epinat, G.; Lenormand, T. The evolution of assortative mating and selfing with in- and outbreeding depression. *Evol. Int. J. Org. Evol.* **2009**, *63*, 2047–2060.
52. Robertson, A. The effect of non-random mating within inbred lines on the rate of inbreeding. *Genet. Res.* **1964**, *5*, 164–167.
53. Calboli, F.C.; Sampson, J.; Fretwell, N.; Balding, D.J. Population structure and inbreeding from pedigree analysis of purebred dogs. *Genetics* **2008**, *179*, 593–601.
54. Voges, S.; Distl, O. Inbreeding trends and pedigree analysis of Bavarian mountain hounds, Hanoverian hounds and Tyrolean hounds. *J. Anim. Breed. Genet.* **2009**, *126*, 357–365.
55. Broeckx, B.J. The dog 2.0: Lessons learned from the past. *Theriogenology* **2020**, *150*, 20–26.
56. Marin, C.; Navas González, F.; Castillo, V.; Payeras, L.; Gómez, M.; Delgado Bermejo, J.V. Organization and Policies of Connection between Coats and Their Particularities in the Ca Mè Dog Breed. In Proceedings of the XX Simpósio Iberoamericano sobre Conservação e Uso de Recursos Zoogenéticos Locais, Corumbá, Brazil, 11–14 November 2019.
57. Marin, C.; Navas González, F.; Castillo, V.; Payeras, L.; Gómez, M.; Delgado Bermejo, J.V. Structural Analysis of the Subpopulations of the Ca Mè Dog Breed. In Proceedings of the XX Simpósio Iberoamericano sobre Conservação e Uso de Recursos Zoogenéticos Locais, Corumbá, Brazil, 11–14 November 2019.

CAPÍTULO 6. ANÁLISIS DEL RIESGO DE PÉRDIDA DE FUNCIONALIDAD EN RAZAS CANINAS DE BALEARES

6.1 De Perros de Trabajo a Animales de compañía: Revelando el Riesgo Elevado de transición de razas de perros autóctonas de trabajo a mascotas, con énfasis en las funciones de caza/rateo frente a las de guarda/pastoreo

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza ², Carmen Marín Navas ³, Inés Concepción Felipe ³, Juan Vicente Delgado Bermejo ³ y Francisco Javier Navas González ^{3*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural Govern Illes Balears, 07009 Palma, España.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, España.

³ Departamento de Genética, Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba, 14071 Córdoba, España.

Información sobre el indicador de calidad de la publicación *Información más reciente disponible (2022)

Estado del manuscrito: Publicado

Revista (año, volumen, páginas): Archivos de Zootecnia, Año 2024, Volumen 73, Número 281, Páginas 28-31.

Base de datos internacional en la que está indexada: ScimagoJournal & Country Rank (SJR)

Área temática en la base de datos de referencia: Animal Science and Zoology

Índice de impacto de la revista en el año de publicación del artículo: 0.17

Clasificación/número de revistas en el área temática: 216/447 (Q4)

Resumen

Este estudio explora detalladamente la transición de razas autóctonas de perros desde sus roles históricos como perros de trabajo hasta convertirse en mascotas de compañía, con un enfoque especial en los riesgos asociados con esta evolución. En particular, nuestros hallazgos revelan una significativa disparidad de riesgos entre razas históricamente utilizadas para caza/rateo y aquellas dedicadas a roles de guarda/pastoreo. El riesgo observado en razas de caza/rateo es 1.5 veces mayor a enfrentarse a dificultades para adaptarse a un entorno doméstico que en razas de guardia/pastoreo, destacando los desafíos sustanciales que enfrentan estas razas al adaptarse a la vida doméstica. A través de metodologías cuantitativas rigurosas y análisis estadísticos, nuestra investigación proporciona evidencia empírica, incluyendo un valor de Cramér's V de 0.25 y cálculos de la razón de posibilidades, cuantificando el riesgo como elevado. Estos resultados numéricos ofrecen una comprensión matizada de las dinámicas multifacéticas que influyen en el cambio de roles tradicionales a mascotas de compañía, con implicaciones para el patrimonio cultural, percepciones sociales y conservación genética en el contexto de razas autóctonas de perros.

Palabras claves

Razas Caninas Autóctonas; Mascotas; Riesgo Elevado; Transición; Roles Laborales.

Introducción

En el intrincado panorama de la simbiosis humano-canina [1], la metamorfosis de las razas caninas autóctonas desde sus funciones históricas de trabajo específico hasta convertirse en apreciados animales de compañía [2] requiere una investigación científica exhaustiva. Este artículo explora exhaustivamente la matizada trayectoria de estas razas y examina los entresijos de la transición de las funciones tradicionales [3] a la integración en el ámbito doméstico [4]. Resulta especialmente significativa la marcada susceptibilidad de las razas caninas autóctonas al desgaste funcional, con un riesgo cuatro veces mayor entre las criadas históricamente para la caza o el rateo, en contraste con las criadas para funciones de guarda o pastoreo.

La etiología de este mayor riesgo abarca dimensiones multifacéticas. Las razas cazadoras [5] o de rateo, impregnadas de la herencia del rastreo y la captura de presas, se enfrentan a problemas de adaptación a la naturaleza sedentaria asociada a la vida doméstica. Los instintos evolutivamente perfeccionados para la toma de decisiones independiente y los movimientos rápidos y ágiles pueden ser incongruentes con el entorno restringido de la vida doméstica, precipitando una disminución de la funcionalidad original [6]. Al mismo tiempo, el bienestar animal [7] contemporáneo y los movimientos activistas [8], que abogan contra el uso profesional de los perros, sobre todo en la caza o la caza de ratas contribuyen a la evolución de las percepción social, influyendo así en la disminución del énfasis funcional en estos roles. Esto podría desembocar en la promoción de la selección negativa en contra de caracteres incompatibles con el mantenimiento de estas razas en ambientes domésticos a largo plazo.

Por el contrario, las razas diseñadas para funciones de guarda o pastoreo [9], dotadas de proclividad a los comportamientos protectores y de pastoreo, pueden alinearse con las responsabilidades de la vida doméstica. Sus rasgos inherentes de vigilancia, lealtad y cuidado facilitan potencialmente una transición más fluida, preservando un mayor grado de su funcionalidad original en un entorno doméstico. Reconociendo el discurso social más amplio en torno al bienestar animal y las consideraciones éticas, estos movimientos abogan por una reevaluación crítica de las implicaciones éticas [10] asociadas al empleo de perros en funciones concretas de trabajo.

Las repercusiones de la disminución de la funcionalidad de las razas caninas autóctonas van más allá de aquellas repercusiones en otras razas ya que estas ejercen unas profundas implicaciones sociales. La capacidad de estas razas para competir eficazmente con otras razas internacionales [11] pone en peligro su utilización continuada, precipitando la pérdida del patrimonio cultural íntimamente entrelazado con sus características únicas y su significado histórico. Este cambio de paradigma no sólo afecta a los aspectos utilitarios de estas razas, sino que también pone en peligro el entramado de tradiciones y vínculos culturales íntimamente ligados a su existencia.

Además, las ramificaciones en la preservación de la conservación genética de estas razas son motivo de gran preocupación [12]. Los rasgos funcionales y la diversidad genética, afinados durante generaciones para adaptarse a papeles específicos en su uso, corren peligro durante la transición a animal de compañía. Esta erosión de la diversidad genética no sólo pone en peligro la salud y adaptabilidad de estas razas, sino que también obstaculiza los esfuerzos por salvaguardar los atributos genéticos distintivos que contribuyen a su individualidad. Por consiguiente, la preservación del legado genético de las razas caninas autóctonas resulta fundamental para comprender las implicaciones más amplias de su transición de animales de trabajo intensivo a animales de compañía, lo que pone de relieve la intrincada confluencia del patrimonio cultural [13], la funcionalidad y la conservación genética [14] desde una perspectiva científica.

El objetivo principal de esta investigación científica es cuantificar la disparidad discernible en el riesgo de declive funcional entre las razas de caza autóctonas y las razas de guarda/pastoreo durante su transición de las funciones históricas de trabajo a animales de compañía. Mediante el empleo de metodologías cuantitativas rigurosas, este estudio pretende proporcionar una medición precisa del elevado riesgo al que se enfrentan las razas de caza en contraste con sus homólogas dedicadas a funciones de guarda o pastoreo. La intención es obtener pruebas empíricas que delinee cuantitativamente el alcance del desgaste funcional, contribuyendo así a una comprensión más matizada de los distintos retos a los que se enfrentan estas razas a medida que navegan por el complejo cambio de funciones específicas a animal de compañía.

Materiales y Métodos

El análisis de los datos se realizó con el programa SPSS versión 27 (IBM Corp., 2020) para evaluar la probabilidad de que las razas pasen de desempeñar funciones laborales tradicionales a ser mascotas actuando como animales de compañía.

En este sentido, se utilizó la V de Cramér, ya que se trata de una medida de asociación para variables nominales (categóricas) y oscila entre 0 y 1. Un valor de V de Cramér de 0,25 sugiere una fuerza de asociación moderada entre las dos variables. He aquí una interpretación general de los valores V de Cramér:

0,1: Asociación débil: Un valor en torno a 0,1 indica una asociación débil entre las variables.

0,25: Asociación moderada: Un valor en torno a 0,25 sugiere una asociación moderada, lo que implica que existe una relación perceptible entre las variables, pero puede que no sea extremadamente fuerte.

0,5: Asociación fuerte: Un valor en torno a 0,5 o superior indica una asociación fuerte, lo que sugiere una relación sustancial entre las variables.

Es importante señalar que la interpretación de los valores V de Cramér puede variar en función del contexto del estudio y del campo de investigación. Siempre hay que tener en cuenta las características específicas de los datos y la naturaleza de las variables analizadas. Además, la importancia de la asociación debe considerarse junto con las pruebas estadísticas y el contexto de la pregunta de investigación.

Se calculó una estimación del riesgo de grupo para evaluar la probabilidad de que las razas caninas autóctonas pasaran de desempeñar funciones de trabajo tradicionales a convertirse en animales de compañía. La estimación del riesgo se centró específicamente en dos grupos distintos: el de los de "guarda/pastoreo" y el de los "cazadores/rateo". Este análisis basado en el uso de las razas pretendía cuantificar el riesgo diferencial de declive funcional asociado a las categorías de uso histórico, proporcionando una comprensión matizada del modo en que estas razas se adaptan a los roles cambiantes.

Resultados

El valor V de Cramér de 0,25 observado en nuestro estudio refleja una fuerza de asociación positiva y moderada entre las variables categóricas que son el uso tradicional y la consideración como mascota. Esto significa que existe una conexión significativa entre los factores investigados, lo que proporciona información valiosa sobre las relaciones entre los datos. Aunque no es extremadamente fuerte, la asociación moderada subraya la relevancia y el impacto de las variables examinadas, contribuyendo a una comprensión más rica y matizada de las complejidades de nuestro contexto de investigación. Esta asociación moderada puede indicar que existe una conexión perceptible entre las categorías analizadas, pero es necesario realizar más estudios para determinar una relación concluyente.

La ratio de probabilidades para la clase de "Uso" etiquetada como "Guarda/Pastoreo" es de 0,500, lo que sugiere que las probabilidades de que los animales participen en actividades recreativas como mascotas son un 50% menores en esta clase que en la de referencia.

La ratio de probabilidades para la clase de "Uso" etiquetada como "Caza/Rateo" es de 1,500, lo que sugiere que las probabilidades de que los animales se dediquen a actividades recreativas como mascotas son 1,5 veces superiores en esta clase en comparación con la categoría de referencia.

El intervalo de confianza del 95% para esta ratio de probabilidades oscila entre 0,336 y 6,702, lo que indica el rango de valores dentro del cual podemos estar seguros al 95% de que se encuentra la verdadera ratio de probabilidades.

El amplio intervalo de confianza sugiere cierta incertidumbre en el efecto preciso de la "Caza/Rateo" sobre las probabilidades de que las mascotas participen en actividades de ocio como mascotas.

Discusión

En el contexto más amplio de la exploración de la transición de las razas caninas autóctonas desde sus funciones tradicionales de trabajo hasta convertirse en animales de compañía [15], el análisis de la categoría "Caza/Rateo" ofrece una valiosa perspectiva de la dinámica matizada asociada a las actividades recreativas [16]. La relación de probabilidades de 1,500 implica una mayor probabilidad de que estas razas participen en actividades recreativas dentro de esta categoría en particular, indicando una asociación positiva con su categoría histórica de uso, lo que indica una asociación positiva con su categoría de uso tradicional.

El amplio rango cubierto por el intervalo de confianza [17] abarca un espectro de valores plausibles, enfatizando la naturaleza intrincada y multifacética de la comprensión del impacto de la categoría de uso histórico "Caza/Rateo" en la participación de los perros en actividades de ocio como mascota. El elevado límite superior del intervalo invita a la cautela en la interpretación, lo que sugiere que, si bien existe una asociación positiva discernible, el efecto preciso sigue estando sujeto a una mayor exploración y clarificación.

El aumento de las probabilidades de que los animales de la categoría "de caza y rateo" se dediquen a actividades de ocio como mascota tiene implicaciones para la transición funcional de estas razas a animales de compañía. Esta mayor probabilidad de que los perros de caza y rateo se conviertan en animales de compañía puede significar una tendencia social más amplia, influida por la evolución de las perspectivas sobre el bienestar animal y las consideraciones éticas. Este cambio no sólo afecta a la utilización de estas razas en sus funciones históricas, sino que también plantea interrogantes sobre la conservación de sus rasgos únicos y su significado histórico.

Además, las posibles causas de esta transición pueden deberse a las características inherentes a las razas de caza y rateo, como su instinto [2] para la toma de decisiones independiente y su agilidad [18], que pueden encajar bien con la compañía que se busca en un entorno doméstico. Esta alineación podría contribuir a la asociación positiva observada con las actividades de ocio como mascota.

Las repercusiones de esta tendencia van más allá de las razas concretas y abarcan actitudes sociales que afectan al valor cultural y utilitario que se atribuye a estas razas. La

posibilidad de que los perros de caza y ratero se conviertan en animales de compañía sugiere un cambio en la preferencia social por sus funciones, lo que repercute en su conservación y en su contribución sostenida al patrimonio cultural. La intersección de las relaciones humano-caninas [1], las consideraciones éticas y la evolución de las actitudes sociales pone de manifiesto la compleja dinámica de la transición de las razas caninas autóctonas de la función de trabajo a la de animales de compañía. Este panorama polifacético justifica una investigación interdisciplinar que incorpore muestras de mayor tamaño y análisis cualitativos para desentrañar los intrincados factores que influyen en la transición funcional y los papeles sociales de estas razas únicas.

Conclusiones

En resumen, aunque los índices de probabilidades aportan datos interesantes sobre las posibles asociaciones entre las categorías históricas de uso y como animales de compañía, los amplios intervalos de confianza subrayan la incertidumbre sobre la magnitud exacta de estos efectos. El reducido número de casos pone aún más de relieve la necesidad de futuras investigaciones caracterizadas por muestras de mayor tamaño para validar y perfeccionar estas conclusiones preliminares. Las investigaciones cualitativas podrían complementar este análisis cuantitativo, ofreciendo una comprensión más profunda de las variaciones individuales matizadas y de los factores contextuales que influyen en las asociaciones observadas. Este enfoque global contribuirá a una comprensión más holística de los comportamientos de ocio como animales de compañía en el intrincado marco de sus funciones históricas

Financiación

La presente investigación se llevó a cabo durante el periodo de cobertura de un Contrato Postdoctoral Ramón y Cajal con la referencia MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea "NextGenerationEU"/PRTR.

Reconocimientos

Los autores expresan su sincero agradecimiento a la Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí y Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya por su inestimable apoyo y colaboración en la publicación de ideas y datos esenciales que finalmente se utilizaron para este estudio. El compromiso y dedicación de estas organizaciones a la preservación y promoción de las razas caninas en las Islas Baleares han enriquecido significativamente la investigación, permitiendo su comprensión integral y permitiendo la evaluación de la dinámica genética y los patrones evolutivos de las razas y grupos de razas presentes en el archipiélago. Su experiencia y contribuciones han sido fundamentales para avanzar en nuestro conocimiento de las poblaciones de razas, lo que refleja su profundo compromiso con la conservación y el bienestar de estas razas caninas únicas

Referencias

1. Hermosillo López, M.L. Escuela para entrenamiento para perros guía : residencia canina en la Ciudad de México. Universidad Nacional Autónoma De México. Mexico. 2009.
2. Miranda, A.P. *Psicología y aprendizaje del adiestramiento del perro*; Ediciones Díaz de Santos: 2010.
3. De la Torre Pérez, D. Domesticación del perro. *Artículo Científico* **2010**.
4. Marquez, V.; Wajner, M.; Zamudio, F. "El cabrero" guardián de las cabras en el Chaco árido. *Mundo de Antes* **2023**, *17*, 279-293.
5. Kim, J.; Williams, F.J.; Dreger, D.L.; Plassais, J.; Davis, B.W.; Parker, H.G.; Ostrander, E.A. Genetic selection of athletic success in sport-hunting dogs. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **2018**, *115*, E7212-E7221.
6. Korta Sukia, G.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M.T. Caracterización y situación actual del Perro Pastor Vasco.
7. Gaudioso Lacasa, V. Explotación y bienestar animal: de los "derechos" a las "libertades". **2014**.
8. Blasco, A.; Mateu, A.B. *Ética y bienestar animal*; Ediciones Akal: 2011.
9. Jakovcevic, A.; Bentosela, M. Rasgos del temperamento de los perros domésticos (Canis familiaris): evaluaciones conductuales. *Revista Colombiana de Psicología* **2009**, *18*, 77-92.
10. Rey Pérez, J.L. Los derechos de los animales en serio. *Los derechos de los animales en serio* **2018**, 1-236.

11. Payeras, LL.; Falconer, J. *El ca mè mallorquí*; 2004.
12. Alfranca, I.S. El concepto de raza: evolución y realidad. *Archivos de zootecnia* **2001**, 50, 547-564.
13. Ramos Font, M.E.; Castillo Ruiz, J. Patrimonio genético agrario: reconocimiento y conservación. **2015**.
14. Sanz, I.G. Plan de desarrollo del programa nacional de conservación, mejora y fomento de las razas ganaderas. *Profesión veterinaria* **2009**, 16, 24-33.
15. Riveros, J.E.B. *La selección de razas caninas: Aspectos legales y consecuencias*; Servei de Publicacions de la Universitat Autònoma de Barcelona: 2020; Volume 3.
16. Gisie, L. Comentario jurídico de la Ley 7/2020, de 31 de agosto, de Bienestar, Protección y Defensa de los Animales de Castilla-La Mancha.[2020/6154]-Diario Oficial de Castilla La-Mancha de 07-09-2020. In *Proceedings of the dA Derecho Animal: Forum of Animal Law Studies*, 2021; pp. 0112-0120.
17. Smithson, M. *Confidence intervals*; Sage: 2003.
18. De Giuliani, C. *Enciclopedia de los perros de caza*; Parkstone International: London, UK, 2020.

CONCLUSIONES

Conclusiones

Conclusiones específicas

Capítulo 1. Análisis de censos y temporalidad de las estructuras de protección de las razas caninas de baleares

- La conservación de razas caninas en Baleares requiere estructuras de protección, destacando el papel crucial de las asociaciones.
- El reconocimiento oficial tanto de la raza como de la asociación de criadores de raza pura actúan como la principal salvaguarda en la tarea de la conservación del patrimonio genético.
- La pronta recopilación de registros y la elaboración de un estándar racial no oficial agilizan el camino hacia el reconocimiento oficial de la raza.
- Las razas concebidas con el propósito de caza son más propensas a la preservación, mientras que las de pastoreo y guarda son más propensas al declive funcional.
- Las hembras del registro fundacional son cruciales para la preservación de la funcionalidad de la raza.

Capítulo 2. Análisis de las relaciones entre los registros censales del libro genealógico y los censos de criadores y propietarios de razas caninas de baleares

- La fortaleza de los registros fundacionales constituye el cimiento sobre el cual se erige un sólido libro genealógico de la raza.
- Las hembras de los registros iniciales juegan un papel crucial para la expansión y preservación de las razas, especialmente aquellas en peligro de extinción.
- Los criadores y propietarios tienen un papel esencial en la conservación de recursos genéticos, destacando la influencia de los criadores en los registros fundacionales.

- En los registros iniciales, se muestra una predilección por las hembras, mientras que en los registros definitivos se observa una leve inclinación hacia los machos, revelando un cambio dinámico en la proporción de sexos a lo largo del tiempo.
- Se evidencia una falta de declaración de las bajas en los censos de los libros genealógicos.

Capítulo 3. Análisis de los elementos que componen los estándares raciales en las razas caninas de baleares.

- Los patrones raciales incompletos afectan a la precisión y requieren complementarse para una definición más detallada y precisa.
- La falta de inclusión de ciertas variables específicas en el estándar de la raza afecta negativamente la comprensión completa y precisa en su identificación.
- Las modificaciones de los estándares de raza requieren de evidencias que los respalden.
- Las principales variables definatorias de un estándar incluyen la clasificación funcional, la configuración de las orejas, la prominencia de la cruz, la longitud del brazo, la relación entre la altura de la cruz y la grupa, la conformación del abdomen y la proporcionalidad corporal.
- El proceso de reconocimiento de razas locales implica etapas autonómicas, nacionales e internacionales, evidenciando diversos niveles de reconocimiento en las poblaciones de Baleares.

Capítulo 4. Análisis de la diversidad genética y estructuras de la población asistido por marcadores moleculares en razas de perros de las Islas baleares.

- La caracterización genética molecular es esencial para comprender y establecer programas de cría, siendo aún más crucial para razas autóctonas en riesgo de extinción.
- Los parámetros esenciales para evaluar y comprender la diversidad genética intra e interracial incluyen las desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg, el número efectivo de alelos, el coeficiente de consanguinidad y la heterocigosidad esperada y observada.
- Las razas de perros de las Islas Baleares son genéticamente homogéneas, en equilibrio de Hardy-Weinberg, con diversidad genética de moderada a alta, excepto CBOU, que está en un nivel más bajo.
- La falta de conocimientos genéticos de las razas puede conducir a la inacción, con un aumentando en la endogamia y en las frecuencias alélicas perjudiciales
- Se recomienda que los programas de cría se centren en aumentar el número de individuos, manteniendo la máxima diversidad genética de los fundadores y minimizando la endogamia.

Capítulo 5. Análisis de la diversidad genética y estructura de la población en base a la información del pedigrí y sinergias con otras herramientas moleculares en razas caninas de baleares.

- La divergencia en la integridad del pedigrí revela que el control de la información está influenciado por la funcionalidad de la raza
- Las asociaciones desempeñan un papel crucial en la recopilación de datos genealógicos.
- Las diferencias en los coeficientes de consanguinidad entre razas indican distintos niveles de salud genética.

- Los estudios de diversidad genética revelan las secuelas de un cuello de botella en la historia del Ca de Bestiar, contrastando con la resiliencia del Podenco Ibicenco.
- El rendimiento subóptimo en las pruebas de paternidad y los altos costes enfatizan la necesidad de buscar otras técnicas equilibradas y complementarias.

Capítulo 6. ANÁLISIS DEL RIESGO DE PÉRDIDA DE FUNCIONALIDAD EN RAZAS CANINAS DE BALEARES

- Las razas con aptitud venatoria tienen más dificultades para adaptarse a la vida doméstica después de perder su funcionalidad, en comparación con las razas de guarda o pastoreo en una situación similar.
- La pérdida de funcionalidad va asociada a la transformación de estas razas en animales de compañía, que fundamentalmente quedan ajenos a los circuitos de protección de estas razas.
- Existe relación entre las razas con una determinada funcionabilidad y las razas que han tenido un cambio de rol a animal de compañía.

Conclusiones transversales

- La creación de estructuras de protección sólidas (asociación de criadores, libro genealógico, estándar racial), son esenciales para evitar la pérdida de funcionalidad de la raza y su posible extinción, garantizando así la continuidad y diversidad de estas razas.
- Las asociaciones de criadores de perros juegan un papel primordial en la salvaguarda de la raza, al trabajar con intereses compartidos y catalizando actividades que favorecen la difusión de la raza.

- Una base fundacional sólida, que incluya registros exhaustivos del libro genealógico, un inicio rápido en la recopilación de datos de la población y un mayor número de hembras en los registros iniciales emerge como características clave en la conservación de la funcionalidad de las razas de perros de Baleares y como medidas preventivas eficaces contra su posible extinción.
- La caracterización genética de las razas de perros de Baleares ya sea mediante el estudio del pedigrí, estudios moleculares, o ambas metodologías, constituye la base esencial para las evaluaciones genéticas para evitar incrementos de la consanguinidad.

Conclusión general

La evaluación pormenorizada de las estructuras de protección que salvaguardan las razas caninas autóctonas en Baleares debe apoyar sus estrategias sobre la mejora del conocimiento de estas poblaciones. La optimización de la información relativa a estas razas está ligada a unas correctas prácticas de caracterización zoométrica, genética, funcional y sociocultural de las mismas. Estos resultados no solo constituyen la piedra angular para programas de conservación sólidos, sino que arraigan dicha conservación sobre la protección de la funcionalidad tradicional que estos animales desempeñan.

OBSERVACIONES FINALES Y PERSPECTIVAS FUTURAS

OBSERVACIONES FINALES Y PERSPECTIVAS FUTURAS

Escenario actual:

En las Islas Baleares, hay reconocidas oficialmente cinco razas caninas: el Ca de Bestiar (CB), el Ca de Bou (CBOU), el Podenco Ibicenco (PI), el Ca Rater mallorquín (CR), y el Ca Mè (CM), junto con una agrupación racial, el Ca de Conills de Menorca (CC).

Las razas CB, CBOU y PI han sido reconocidas por la Real Sociedad Canina Española y la Federación Cinológica Internacional.

Se han establecido asociaciones de criadores para todas las poblaciones caninas de Baleares, aunque no todas colaboran de manera cohesionada ni operan al mismo ritmo.

Todas las razas oficialmente reconocidas cuentan con la aprobación de su estándar racial oficial. En el caso de la agrupación racial del CC, su asociación se encuentra actualmente inmersa en esfuerzos para desarrollar una caracterización morfológica que le permita establecer un patrón racial, aunque este aún no cuente con reconocimiento oficial.

Todas las razas oficialmente reconocidas han obtenido la aprobación de su libro genealógico, y cada una de sus asociaciones cuenta con el reconocimiento oficial para su mantenimiento. Sin embargo, no todas abordan este aspecto con la misma diligencia, y la presentación de datos censales ante las instituciones públicas no sigue un patrón uniforme. En el contexto de la agrupación racial del CC, su asociación está actualmente inmersa en la recopilación de información genealógica. Este proceso implica realizar visitas a criadores y propietarios con el objetivo de establecer un censo preciso y mantener registros fundacionales sólidos.

Se han llevado a cabo caracterizaciones genéticas en las razas caninas de Baleares, resaltando la realización de estudios moleculares en todas las poblaciones y estudios de pedigrí en las razas CB, CR y CM. Con base en los estudios moleculares realizados, se

llevan a cabo pruebas de filiación y asignación a la raza en todas las poblaciones caninas. Estas pruebas proporcionan información valiosa para identificar la ascendencia y la pertenencia a la raza.

Existe un limbo administrativo al tratar de determinar la institución competente encargada de salvaguardar la conservación de esta especie. Existe una falta de convencimiento a la hora de apostar por su salvaguarda. Además, esta falta de convicción se refleja en la ausencia de financiación, en contraste con la claridad de roles que se observa en otras especies consideradas ganaderas. En estas últimas, el Ministerio de Agricultura o su homólogo a nivel autonómico desempeñan un papel definido, evidenciando una estructura más consolidada y respaldada financieramente. El Consell Insular de Mallorca, en el marco de sus competencias relacionadas con la caza, ha otorgado financiamiento puntual para actividades específicas vinculadas a la funcionalidad de razas caninas autóctonas mallorquinas con inclinación venatoria. Asimismo, el Consell Insular de Menorca han brindado apoyo para la caracterización genética del CC, contribuyendo así a su futuro reconocimiento oficial. Del mismo modo, el Consell Insular de Eivissa ha respaldado económicamente diversas actividades llevadas a cabo por la asociación del PI.

El Institut de Recerca i Formació Agroalimentària de les Illes Balears (IRFAP), y sus denominaciones previas debido a modificaciones en su razón social, ha desempeñado y desempeña un papel crucial como empresa pública dentro de la Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural del Govern Illes Balears. Dentro de su área de producción ganadera, destaca la presencia de un departamento dedicado a las razas autóctonas. Este departamento cumple la función de brindar apoyo, asesoramiento y colaboración con las asociaciones, participando activamente en una variedad de actividades. Su grado de implicación varía según la solicitud de intervención de cada asociación, y en ciertos momentos, ha contribuido e incluso continúa financiando diversas iniciativas relacionadas con estas razas autóctonas.

Definamos el rumbo a tomar:

La asociación del CC deberá continuar con las gestiones y trabajos pertinentes para conseguir el reconocimiento oficial como raza por parte del organismo estatal correspondiente, lo que le conllevará la aprobación de su estándar racial oficial, aprobación de su libro genealógico y reconocimiento oficial para su mantenimiento.

Para la conservación de la raza, es esencial contar con un grupo de socios comprometidos y cohesionados en cada asociación. La colaboración unida de estos socios será fundamental para trabajar de manera coordinada en la preservación y promoción de la raza.

Sería crucial que cada asociación presente datos censales al organismo competente al menos anualmente, siguiendo un modelo similar a la aplicación ARCA del Ministerio utilizado en razas ganaderas. Esta práctica proporcionaría una base sólida de información actualizada sobre las poblaciones caninas y evolución de censos.

Resultaría valioso llevar a cabo una caracterización funcional de todas las poblaciones caninas, centrándose en sus usos esenciales para prevenir la pérdida de funcionalidad de la raza en los ámbitos tradicionales.

Resultaría beneficioso proseguir con los análisis genéticos de filiación y asignación, teniendo siempre en consideración su coste, a la par que llevar a cabo evaluaciones genéticas periódicas respaldadas por estudios de pedigrí. Esta combinación de enfoques proporcionaría una comprensión más completa y detallada de la composición genética de las poblaciones caninas, permitiendo una gestión más informada y eficaz para la conservación y mejora de las razas.

Es imperativo redactar programas de conservación sólidos y específicos para cada raza, delineando todas las acciones pertinentes para su preservación. Estos programas deben establecer objetivos claros, priorizando el mantenimiento de la máxima diversidad genética de los fundadores y minimizando la endogamia. Asimismo, es esencial incluir una cuidadosa gestión de apareamiento para garantizar la salud genética a largo plazo de la raza.

Es esencial que las asociaciones cuenten con financiación adecuada para llevar a cabo de manera efectiva todas las actuaciones definidas en los programas de conservación. La disponibilidad de recursos financieros juega un papel crucial en la implementación exitosa de las estrategias y acciones destinadas a preservar y promover la diversidad genética, la funcionalidad y la sostenibilidad de las razas.

OTROS RESULTADOS DERIVADOS DE LA TESIS DOCTORAL

Otros resultados derivados de la tesis doctoral

Comunicaciones orales

José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo, Carmen Marín Navas y Francisco Javier Navas González. Análisis estructural de las subpoblaciones de la Raza canina Ca de Bestiar. XXI Simposio Iberoamericano sobre conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos. On-line, 15-16 diciembre 2020.

José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo, Carmen Marín Navas y Francisco Javier Navas González. Análisis estructural de las subpoblaciones de la Raza canina Ca Rater. XXI Simposio Iberoamericano sobre conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos. On-line, 15-16 diciembre 2020.

Aurora Expósito Ogalla, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. Análisis de frecuencias del panorama de la cría y caza con perro en Islas Baleares. XXI Simposio Iberoamericano sobre conservación y utilización de Recursos Zoogenéticos. On-line, 15-16 diciembre 2020.

Poster

José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Vanesa Castillo López, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. Evaluación de la Entrenabilidad (Test de Obediencia) en perros de raza autóctona de las Baleares. XIII Simposio Internacional de recursos genéticos para las Américas y el Caribe. On-line, del 30 de noviembre al 3 de diciembre 2021.

José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Vanesa Castillo López, Juan Vicente Delgado Bermejo y Francisco Javier Navas González. Evaluación de las capacidades cognitivas (Test Stanley Coren) en perros de razas autóctonas de Baleares. XIII Simposio

Internacional de recursos genéticos para las Américas y el Caribe. On-line, del 30 de noviembre al 3 de diciembre 2021.

BIBLIOGRAFÍA

Referencias

- Abramovs, N.; Brass, A.; Tassabehji, M. Hardy-Weinberg equilibrium in the large scale genomic sequencing era. *Frontiers in genetics* 2020, 11, 210.
- Adrover, A.; Grimalt, M.; Binimelis, S. Implicaciones territoriales, sociales y ambientales de las sociedades de cazadores locales en Mallorca. Análisis espacial y representación geográfica: innovación y aplicación. Universidad de Zaragoza: Zaragoza, Spain, 2015, 1543-1552.
- Aguilera, L.; Canales, A.; Pons, A.; Delgado, J.; Martínez, A. Caracterización genética del Ca Rater Mallorquí con microsatélites. *Archivos de zootecnia* 2022, 71, 270-276.
- Alanzor Puente, J.M.; Pons Barro, Á.L.; de la Haba Giraldo, M.R.; Delgado Bermejo, J.V.; Navas González, F.J. Does functionality condition the population structure and genetic diversity of endangered dog breeds under island territorial isolation? *Animals* 2020, 10, 1893.
- Alfranca, I.S. El concepto de raza: evolución y realidad. *Archivos de zootecnia* 2001, 50, 547-564.
- Álvarez, J.; Jiménez, L.; Martínez, R.; Rodríguez, Y.; Mendoza, L.; Leal, J.; Atehortua, M.; Camargo, J.; Sánchez, C. Comparación De Características Fanerópticas Entre Cuatro Razas De Sabuesos Y El Sabueso Fino Colombiano. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal AICA* 2015, 6, 372-380.
- Alvariño Martínez, P. Evaluación de la diversidad genética y de parentesco en poblaciones de Rubia Gallega (*Bos Taurus*). 2019.
- Anguera Sansó, B. Races Autòctones de les Illes Balears; Conselleria d'Agricultura i Pesca. Govern de les Illes Balears: Mallorca, Spain, 2003.
- Asociación Canina de la Comunidad Autónoma de Murcia. Estudio Sobre El Ratonero Murciano. Murcia, Spain, 2015.
- Barbosa Mireles, M.A.; López Islas, R.J. *Zootecnia de Perros y Gatos* (2004).
- Barbosa Mireles, M.A.; López Islas, R.J. *Zootecnia de Perros y Gatos*. Universidad Autónoma del Estado de México, México, 2013.
- Barrios, N.; Fuenzalida, A.; Gómez, M.; Heuser, C.; Muñoz, R.; Ostrander, E.A.; Parker, H.G.; González-Lagos, C. The Patagonian Sheepdog: historical perspective on a herding dog in Chile. *Diversity* 2019, 11, 245.
- Belkhir, K. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. <http://www.genetix.univ-montp2.fr/genetix/genetix.htm> 2004.
- Bermúdez, J.R. Un nuevo estimador muestral de regresión vía residuos ortogonales derivados del análisis de componentes principales. *Comunicaciones en Estadística* 2009, 2, 103-114.
- Berón, M.A.; Prates, L.R.; Prevosti, F.J. Una Historia De Perros: Mitos Y Certezas Sobre Su Origen Y Dispersión En América]. Universidad Nacional de La Plata: Buenos Aires, Argentina, 2015.
- Bettencourt, A. Boston Terrier; Editorial Hispano Europea: L'hospitalet de Llobregat, Barcelona, Spain, 2002.
- Beuk, S.; Melero Soler, S.; Sastre Català, M. El secreto del pedigrí. Patologías asociadas a los perros de raza. Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain, 2013.
- Blasco, A.; Mateu, A.B. *Ética y bienestar animal*; Ediciones Akal: 2011.

Boichard, D.; Maignel, L.; Verrier, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 1997, 29, 5-23.

Broeckx, B.J. The dog 2.0: Lessons learned from the past. *Theriogenol.* 2020, 150, 20-26.

Budiansky, S. The truth about dogs: the ancestry, social conventions, mental habits and moral fibre of canis familiaris; Hachette UK: London, UK, 2016.

Burbano López, C.E.; Castro Ordóñez, M.L. Desarrollo de un software como herramienta para el reconocimiento de patrones faciales caninos. Final Degree Project, Universidad del Azuay, Cuenca, Ecuador, 2021.

Caballero, A.; Toro, M.A. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.* 2000, 75, 331-343.

Cadiou, E.; Neff, M.W.; Quignon, P.; Walsh, K.; Chase, K.; Parker, H.G.; VonHoldt, B.M.; Rhue, A.; Boyko, A.; Byers, A. Coat variation in the domestic dog is governed by variants in three genes. *Science* 2009, 326, 150-153.

Cañas-Álvarez, J.; González-Rodríguez, A.; Munilla, S.; Varona, L.; Díaz, C.; Baro, J.; Altarriba, J.; Molina, A.; Piedrafita, J. Genetic diversity and divergence among Spanish beef cattle breeds assessed by a bovine high-density SNP chip. *Journal of Animal Science* 2015, 93, 5164-5174.

Casanova, D.; Andere, C.; Rodríguez, E.; Bergonzelli, P. Argentine genetic evaluation. Results of bull performance. In *Performance Recording of Animals-State of the Art, 2004*; Wageningen Academic: Wageningen, Netherlands, 2005; pp. 185-194.

Castellanos, G.C.; Rodríguez, G.; Iregui, C.A. Estructura histológica normal de la piel del perro (Estado del arte). *Rev. Med. Vet.* 2005, 1, 109-122.

Castro, R.; Barba, C.; García, M.; González, M.; Camacho, M. Contribución a la caracterización etno-genética de una agrupación racial canina andaluza. *Archivos de zootecnia* 2000, 49, 253-257.

Cecchi, F.; Bramante, A.; Mazzanti, E.; Ciampolini, R. A colony of dog guides: analysis of the genetic variability assessed by pedigree data. *Ita. J. Anim. Sci.* 2009, 8, 48-50.

Cecchi, F.; Paci, G.; Spaterna, A.; Ciampolini, R. Genetic variability in Bracco Italiano dog breed assessed by pedigree data. *Ita. J. Anim. Sci.* 2013, 12, e54.

Cervantes, F.A.; Castañeda, M. Efecto genético del aislamiento geográfico de la liebre negra (*Lepus insularis*), endémica de Isla Espíritu Santo, Baja California Sur, México. *Therya* 2012, 3, 151-171.

Cervantes, I.; Goyache, F.; Molina, A.; Valera, M.; Gutiérrez, J. Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. *J. Anim. Breed. Genet.* 2008, 125, 301-310.

Cervantes, I.; Goyache, F.; Molina, A.; Valera, M.; Gutiérrez, J. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *J. Anim. Breed. Genet.* 2011, 128, 56-63.

Chybicki, I. How can I calculate mean number of alleles per locus (A) and effective number of alleles per locus (Ae) in case of genetic diversity analysis ? Available online: <https://www.researchgate.net/post/How-can-I-calculate-mean-number-of-alleles-per-locus-A-and-effective-number-of-alleles-per-locus-Ae-in-case-of-genetic-diversity-analysis/55ae62535e9d97d3898b463a/citation/download>. (accessed on

Çiftci, Y.; Okumuş, İ. Fish population genetics and applications of molecular markers to fisheries and aquaculture: I-Basic principles of fish population genetics. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 2002, 2.

Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural Decret 5/2007, de 2 de febrer, pel qual s'aprova el Catàleg d'agrupacions racials dels animals domèstics autòctons de les Illes Balears i es regulen les entitats dedicades a fomentar-los. BOIB núm. 020, de 8 de febrer de 2007, Mallorca, Spain.

Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural. Decree 8/2017, of February 17, which regulates the racial prototype of the ca de bou, BOCAIB of February 18, 2017, Mallorca, Spain.

Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural. Resolució del conseller d'Agricultura i Pesca, de 30 de novembre de 2002, estandar racial. 2002.

Corteggiano, M.F. Examen ecografico de la articulacion femorotibiorrotuliana del perro. Degree Final Project, Universidad Nacional De Río Cuarto, Argentina, 2018.

Costa, G.; Estevez, J.; Gorozurreta, A. Estudios genéticos en la raza canina cimarrón uruguayo. Final Degree Project. Universidad de la República, Uruguay, 2007.

Cunliffe, J. Bichon frisé; Editorial Hispano Europea: L'hospitalet de Llobregat, Barcelona, Spain, 2000.

Cunningham, M. What is the difference between polymorphic information content (PIC) and heterozygosity (H) in parentage testing?. Retrieved from: . Available online: https://www.researchgate.net/post/What_is_the_difference_between_polymorphic_information_content_PIC_and_heterozygosity_H_in_parentage_testing/59db4684f7b67ebf21155d7e/citation/download (accessed on

Cuomo, U. El staffordshire bull terrier y el american staffordshire terrier; Parkstone International: New York, USA, 2017.

Czyż, K.; Filistowicz, A.; Przysiecki, P.; Vrtková, A.E. Genetic distance between three breeds of dogs based on selected microsatellite sequences. *Animal science papers and reports* 2016, 34, 95-102.

Daniels-Moulin, M.-P. El caniche; Parkstone International: New York, USA, 2020.

Davies, N.; Villablanca, F.X.; Roderick, G.K. Determining the source of individuals: multilocus genotyping in nonequilibrium population genetics. *Trends in ecology & evolution* 1999, 14, 17-21.

De Giuliani, C. Enciclopedia de los perros de caza; Parkstone International: New York, USA, 2020.

De la Torre Pérez, D. Domesticación del perro. *Artículo Científico* 2010.

Delgado-Bermejo, J.; Barba Capote, C.; Caballero, P.; Castro, R. Diferenciación de ecotipos en el perro de agua español. *Arch. Zootec.* 1998. 47, 445-449.

Dhanapal, A.P. What is the difference between polymorphic information content (PIC) and heterozygosity (H) in parentage testing? Available online: https://www.researchgate.net/post/What_is_the_difference_between_polymorphic_information_content_PIC_and_heterozygosity_H_in_parentage_testing/5464d094d685cce21b8b45e9/citation/download. (accessed on

Dijksterhuis, G.B.; Gower, J.C. The interpretation of generalized procrustes analysis and allied methods. *Food quality and preference* 1991, 3, 67-87.

Driver, J. Recognizing Race. *Colum. L. Rev.* 2012, 112, 404.

Duffy, D.L.; Hsu, Y.; Serpell, J.A. Breed differences in canine aggression. *Appl. Anim. Behav. Sci.* 2008, 114, 441-460.

Dunner, S.; Sevane, N. Genética de la coloración de capas y mucosas en el perro y en el gato. *Canis et Felis* 2014, 130, 1-33.

Dupuis, C. los retriever el labrador, el golden retriever y los otros retriever; Parkstone International: New York, USA, 2018.

Dzitsiuk, V.; Kruhlyk, S.; Spyrydonov, V. GENETIC ANALYSIS GERMAN SHEPHERD BREED DOGS USING MICROSATELLITE DNA MARKERS. *Animal Breeding and Genetics* 2016, 52, 166-171.

- E Cadieu, M.N., P Quignon, K Walsh, K Chase. Coat variation in the domestic dog is governed by variants in three genes. *Science*, 2009, 326, 150-153.
- Earl, D.A.; VonHoldt, B.M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation genetics resources* 2012, 4, 359-361.
- Eisner, E. R. Vestibule deepening procedure for tight lip syndrome in the Chinese Shar-pei dog. *J. Vet. Dent.*, 2008, 25, 284-289.
- Evanno, G.; Regnaut, S.; Goudet, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular ecology* 2005, 14, 2611-2620.
- Fernández, G.; Silveira, C.; Barba Capote, C. Primeros datos de la caracterización etnológica del perro cimarrón. *Arch. Zootec.* 2002, 52, 223-228.
- Fernández, J.; Meuwissen, T.; Toro, M.; Mäki-Tanila, A. Management of genetic diversity in small farm animal populations. *Animal* 2011, 5, 1684-1698.
- Ferrari, F. *El dálmata*; Parkstone International: New York, USA, 2020.
- Fiala, I. Dog breeds: the canine version of a socially constructed race. *Humanities and Social Sciences Review*, 2013, 2, 137-144.
- Filzmoser, P.; Hron, K.; Templ, M.; Filzmoser, P.; Hron, K.; Templ, M. Correlation Analysis. *Applied Compositional Data Analysis: With Worked Examples in R* 2018, 149-162.
- Franco, A. *Los schnauzer: cómo escoger el cachorro adecuado-comunicación educación y adiestramiento-alimentación-salud acicalamiento-reproducción*; Parkstone International: New York, USA, 2017.
- G Costa, J.E., A Gorozurreta. *Estudios genéticos en la raza canina cimarrón uruguayo*. 2007.
- Gagliardi, R. *Análisis de genes relacionados con la farmacogenética en caninos de diferentes razas en Uruguay*. Phd Thesis. Universidad de la República, Uruguay, 2014.
- García, J.L. *Los registros son el fundamento de una administración eficiente*. Available online: (accessed on
- García, L.S.A.; Vergara, A.M.C.; Herrera, P.Z.; Puente, J.M.A.; Barro, Á.L.P.; Dunner, S.; Marques, C.S.J.; Bermejo, J.V.D.; Martínez, A.M. Genetic Structure of the Ca Rater Mallorquí Dog Breed Inferred by Microsatellite Markers. *Animals* 2022, 12, 2733.
- Garrido, J.; Capote, C.B.; Morera, L.; de Andrés Cara, D.F.; Barbancho, M. Detección de variabilidad genética por microsatélites en el alano español. *Archivos de zootecnia* 1999, 48, 63-70.
- Gaudioso Lacasa, V. *Explotación y bienestar animal: de los "derechos" a las "libertades"*. 2014.
- Gisie, L. Comentario jurídico de la Ley 7/2020, de 31 de agosto, de Bienestar, Protección y Defensa de los Animales de Castilla-La Mancha.[2020/6154]-Diario Oficial de Castilla La-Mancha de 07-09-2020. In *Proceedings of the dA Derecho Animal: Forum of Animal Law Studies*, 2021; pp. 0112-0120.
- Goleman, M.; Balicki, I.; Radko, A.; Jakubczak, A.; Fornal, A. Genetic diversity of the Polish Hunting Dog population based on pedigree analyses and molecular studies. *Livestock Science* 2019, 229, 114-117.
- Gómez Fernández, M. *Diferentes razas y agrupaciones raciales caninas vascas*. *Naturzale* 1999, 14, 181-184.
- González, A.; Luque, M.; Herrera, M.; González, C.; Angón, E.; Rodero, E. Usefulness of discriminant analysis in the morphofunctional classification of Spanish dog breeds. *Arch. Anim. Breed.* 2014, 57, 2.

- González, E.G. Microsatélites: sus aplicaciones en la conservación de la biodiversidad. *Graellsia* 2003, 59, 377-388.
- Goodall, C. Procrustes methods in the statistical analysis of shape. *J. R. Stat. Soc. Series B Stat. Methodol.* 1991, 53, 285-321.
- Gower, J.C. Generalized procrustes analysis. *Psychometrika* 1975, 40, 33-51.
- Gracia, M.C. El perro de presa canario:(su verdadero origen); M. Curtó Nueva Gráfica: La Laguna, Tenerife, Spain, 1991.
- Greenbaum, G.; Templeton, A.R.; Zarmi, Y.; Bar-David, S. Allelic richness following population founding events—a stochastic modeling framework incorporating gene flow and genetic drift. *PLoS one* 2014, 9, e115203.
- Gual Fournier, S. El Ca de Bou. El mítico Perro de Presa Mallorquín; Ed. Sergio Gual Fournier: Mallorca, Spain, 2010.
- Guasp, A. Pastor Mallorquin o Ca de Bestiar. In *Proceedings of the I Simposio Nacional de Razas Caninas Española*, Universidad de Córdoba, 19- 21 March, Córdoba, Spain, 1982.
- Guo, S.W.; Thompson, E.A. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics* 1992, 361-372.
- Gutiérrez, J.; Cervantes, I.; Goyache, F. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.* 2009, 126, 327-332.
- Gutiérrez, J.P.; Marmi, J.; Goyache, F.; Jordana, J. Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. *J. Anim. Breed. Genet.* 2005, 122, 378-386.
- Gutiérrez, J.P.; Royo, L.; Álvarez, I.; Goyache, F. MolKin v2. 0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *J. Heredity* 2005, 96, 718-721.
- Harris AM, D.G.M. An Unbiased Estimator of Gene Diversity with Improved Variance for Samples Containing Related and Inbred Individuals of any Ploidy. Available online: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5295611/> (accessed on
- Hauser, S.S.; Athrey, G.; Leberg, P.L. Waste not, want not: Microsatellites remain an economical and informative technology for conservation genetics. *Ecology and Evolution* 2021, 11, 15800-15814.
- Hermosillo López, M.L. Escuela para entrenamiento para perros guía : residencia canina en la Ciudad de México. Universidad Nacional Autónoma De México. Mexico. 2009.
- Jaén Téllez, J.A. El perro ratonero-bodeguero andaluz. Diferencias con otros terriers y ratoneros españoles. *REDVET Rev. electrón.* 2012, 13.
- Jaén Téllez, J.A. Evolución del Patrón Racial del Perro Ratonero-Bodeguero Andaluz. *Información Veterinaria* 2012, 23-27.
- Jakovcevic, A.; Bentosela, M. Rasgos del temperamento de los perros domésticos (Canis familiaris): evaluaciones conductuales. *Revista Colombiana de Psicología* 2009, 18, 77-92.
- James, J. A note on selection differential and generation length when generations overlap. *Anim. Sci.* 1977, 24, 109-112.
- Jordana i Vidal, J.; Sánchez Bonastre, A.; Piedrafita Arilla, J. Probabilidad de detección de pedigrees erróneos mediante polimorfismos bioquímicos en razas caninas españolas. *Clin. Vet. Peq. Anim.* 1990, 10, 0067-0072.
- Jordana Vidal, J.; Arilla, J.P.; Bonastre, A.S. Variabilidad Genética En Diez Razas Caninas Españolas. *Arch. Zootec.* 1991, 40, 115-129.

- Juárez, J.R.R. El registro de asociaciones como parte del contenido esencial del derecho de asociación. Phd Thesis, UNED. Universidad Nacional de Educación a Distancia, Spain, 2021.
- Juneja, R.K.; Reetz, I.; Christensen, K.; Gahne, B.; Andresen, E. Two-dimensional gel electrophoresis of dog plasma proteins: Genetic polymorphism of an α 1-protease inhibitor and another postalbumin. *Hereditas* 1981, 95, 225-233.
- Kardos, M.; Taylor, H.R.; Ellegren, H.; Luikart, G.; Allendorf, F.W. Genomics advances the study of inbreeding depression in the wild. *Evolutionary applications* 2016, 9, 1205-1218.
- Kim, J.; Williams, F.J.; Dreger, D.L.; Plassais, J.; Davis, B.W.; Parker, H.G.; Ostrander, E.A. Genetic selection of athletic success in sport-hunting dogs. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 2018, 115, E7212-E7221.
- Kopelman, N.M.; Mayzel, J.; Jakobsson, M.; Rosenberg, N.A.; Mayrose, I. Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Molecular ecology resources* 2015, 15, 1179-1191.
- Korta Sukia, G.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M.T. Caracterización y situación actual del Perro Pastor Vasco. Final Degree Project, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain.
- Koskinen, M.; Bredbacka, P. Assessment of the population structure of five Finnish dog breeds with microsatellites. *Animal genetics* 2000, 31, 310-317.
- Lacy, R.C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.* 1989, 8, 111-123.
- Langella, O. Populations 1.2. 28 (12/5/2002): a population genetic software. CNRS UPR9034. 1999.
- León Gaudó, E.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M. Reglamentos y recomendaciones de cría canina en diferentes razas: ejemplos nacionales e internacionales. Final Degree Project, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain, 2021.
- Leroy, G. Re: What is the difference between effective number of alleles and observed number of alleles? Available online: <https://www.researchgate.net/post/What-is-the-difference-between-effective-number-of-alleles-and-observed-number-of-alleles/5629fae45cd9e3b0098b4578/citation/download>. (accessed on
- Leroy, G.; Mary-Huard, T.; Verrier, E.; Danvy, S.; Charvolin, E.; Danchin-Burge, C. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. *Genet. Sel. Evol.* 2013, 45, 1-10.
- Leroy, G.; Rognon, X.; Varlet, A.; Joffrin, C.; Verrier, E. Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data. *J. Anim. Breed. Genet.* 2006, 123, 1-9.
- Leroy, G.; Verrier, E.; Meriaux, J.; Rognon, X. Genetic diversity of dog breeds: within-breed diversity comparing genealogical and molecular data. *Anim. Genet.* 2009, 40, 323-332.
- Levene, H. On a matching problem arising in genetics. *The annals of mathematical statistics* 1949, 91-94.
- Levine, J.M.; Levine, G.J.; Kerwin, S.C.; Hettlich, B.F.; Fosgate, G.T. Association between various physical factors and acute thoracolumbar intervertebral disk extrusion or protrusion in Dachshunds. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 2006, 229, 370-375.
- Liotta, L.; Bionda, A.; Cortellari, M.; Negro, A.; Crepaldi, P. From phenotypical to genomic characterisation of the mannara dog: An Italian shepherd canine resource. *Ital. J. Anim. Sci.* 2021, 20, 1431-1443.
- Luo, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* 1992, 24, 305-313.
- Maignel, L.; Boichard, D.; Verrier, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bulletin*. 1996, 49-49.

Mansour, T.A.; Lucot, K.; Konopelski, S.E.; Dickinson, P.J.; Sturges, B.K.; Vernau, K.L.; Choi, S.; Stern, J.A.; Thomasy, S.M.; Döring, S. Whole genome variant association across 100 dogs identifies a frame shift mutation in DISHEVELLED 2 which contributes to Robinow-like syndrome in Bulldogs and related screw tail dog breeds. *PLoS genetics* 2018, 14, e1007850.

Marí, A.P. *Races autóctones de les Pitiüses*; Genial: Ibiza, Spain, 2003.

Marquez, V.; Wajner, M.; Zamudio, F. "El cabrero" guardián de las cabras en el Chaco árido. *Mundo de Antes* 2023, 17, 279-293.

Martínez Ortega, R.M.; Tuya Pendás, L.C.; Martínez Ortega, M.; Pérez Abreu, A.; Cánovas, A.M. El coeficiente de correlación de los rangos de Spearman caracterización. *Revista Habanera de Ciencias Médicas* 2009, 8, 0-0.

Martínez, A.; Vega, J.L.; Delgado, J.V. Caracterización genética de razas de caza: casos aplicados a Mallorca. *Recerca i gestió dins l'àmbit cinègètic. Mon. Soc. Hist. Nat. Balears* 2019, 28, 115-117.

Martínez, M.A.M. *Caracterización genética del cerdo Ibérico mediante marcadores moleculares*. Universidad de Córdoba (ESP), 2001.

Martínez, R.; Jiménez, L.; Álvarez, J.; Rodríguez, Y.; Atehortua, M.; Camargo, J.; Leal, J.; Sánchez, C.; Mendoza, L. Caracterización Morfológica De La Raza Sabueso Fino. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal AICA* 2015, 6, 360-371.

Medina, J.R.G.; Vilas, F. Asociación de criadores y libro genealógico. *Bovis* 1986, 67-78.

Méndez, S.; Dunner, S.; García, J.; de Argüello, S.; Crespo, M.; Chomón, N.; Calderón, L.; Sañudo, B.; Cañón, J. Caracterización del perro de agua del cantábrico. *Archivos de zootecnia* 2011, 60, 405-408.

Ministerio español de Agricultura, Pesca y Alimentación. Orden APA/807/2004, de 24 de marzo, Por el que se modifica el anexo del Real Decreto 558/2001, de 25 de mayo, Por la que se regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura. «BOE» No. 77 de 30 Marzo 2004, pp. 13430-13435.

Ministerio español de Agricultura, Pesca y Alimentación. Real Decreto 558/2001, de 25 de mayo, que regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura. «BOE» No. 142, 14 junio, 2001, páginas 21156-21182.

Miranda, A.P. *Psicología y aprendizaje del adiestramiento del perro*; Ediciones Díaz de Santos: 2010.

Mujica, F.; Obreque, V.; Hinrichsen, P.; Cothran, G. Recuperación, conservación y caracterización del caballo chilote. *Agro Sur* 2005, 33, 58-67.

Murciano, P.C. *Programa De Cría, Conservación, Selección Y Mejora Genética De La Raza*.

Navas, C.M.; González, F.J.N.; López, V.C.; Capellà, L.P.; Fernández, M.G.; Bermejo, J.V.D. Impact of breeding for coat and spotting patterns on the population structure and genetic diversity of an islander endangered dog breed. *Research in Vet. Sci.* 2020, 131, 117-130.

Navas, F.; Jordana, J.; León, J.; Barba, C.; Delgado, J. A model to infer the demographic structure evolution of endangered donkey populations. *Animal* 2017, 11, 2129-2138.

Navas, F.J. I Jornada sobre el Ca de Conills de Menorca, 4-5 July, 2020, Mercadal, Menorca, Spain.

Navas, F.J. II Jornada sobre el Ca de Conill de Menorca. 30 April to 1st May, 2022, MErcadal, Menorca, Spain, 2023.

Nei, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 1978, 89, 583-590.

Nei, M. *Molecular evolutionary genetics*; Columbia University Press: New York, USA, 1987.

O'Neill, D.G.; Yin, Y.; Tetas Pont, R.; Brodbelt, D.C.; Church, D.B.; Pegram, C.; Mustikka, M. Breed and conformational predispositions for prolapsed nictitating membrane gland (PNMG) in dogs in the UK: A VetCompass study. *Plos one* 2022, 17, e0260538.

Official website of the United States government, D.o.J. Population Genetics and Statistics for Forensic Analysts. Available online: <https://nij.ojp.gov/nij-hosted-online-training-courses/population-genetics-and-statistics-forensic-analysts/population-theory/population-genetics/heterozygosity> (accessed on

Olivares, E.M. Razas de perros: sus características y aptitudes. *TecnoVet* 1995, 1.

Oliveira, R.; Brasil, L.; Delgado, J.; Peguezuelos, J.; León, J.; Guedes, D.; Arandas, J.; Ribeiro, M. Genetic diversity and population structure of the Spanish Murciano–Granadina goat breed according to pedigree data. *Small Rum Res.* 2016, 144, 170–175.

Orozco Cruz, R.E.; Ramírez Canseco, A.; Patiño Galvéz, N.I. Manual zootécnico del perro, Final Degree Project. University of Guadalajara, Las Agujas, Nextipac Jalisco, Mexico, 1998.

Ortega, R.M.M.; Pendás, L.C.T.; Ortega, M.M.; Abreu, A.P.; Cánovas, A.M. El coeficiente de correlacion de los rangos de spearman caracterizacion. *Revista Habanera de Ciencias Médicas* 2009, 8.

Osorio Málaga, J.O.; Gálvez Ramírez, C. El viringo, el perro sin pelo del Perú. *Revista De Arquitectura UNIFÉ* 2015, 2, 57–82.

Park, S.D.E. Trypanotolerance in West African cattle and the population genetic effects of selection. Ph. D. thesis, University of Dublin 2001.

Parker, H.G.; Kim, L.V.; Sutter, N.B.; Carlson, S.; Lorentzen, T.D.; Malek, T.B.; Johnson, G.S.; DeFrance, H.B.; Ostrander, E.A.; Kruglyak, L. Genetic structure of the purebred domestic dog. *science* 2004, 304, 1160–1164.

Payeras, LL.; Falconer, J. El ca mè mallorquí; 2004.

Payeras, LL.; Falconer, J.. El Ca Mè Mallorquí; Oficina de la caça. Departament de Medi Ambient i Natura. Consell de Mallorca: Mallorca, Spain, 2004.

Payeras, LL.; Falconer, J.. El Ca Rater Mallorquí; Oficina de la caça. Departament de Medi Ambient i Natura. Consell de Mallorca: Mallorca, Spain, 1998.

Pedersen, N.; Liu, H.; Theilen, G.; Sacks, B. The effects of dog breed development on genetic diversity and the relative influences of performance and conformation breeding. *J. Anim. Breed. Genet.* 2013, 130, 236–248.

Pedrerros Castellanos, F.M.; Soler Morantes, P.C. Propuesta para la incorporación de pelaje de perro de raza samoyedo como insumo textil para la unidad productiva la espiga en Cucaita Boyacá. 2022.

Pérez de Muniaín Ortigosa, A. Actualidad en la gestión de las razas autóctonas en Navarra. *Naturzale. Cuadernos de Ciencias Naturales* 2004, 49–61.

Perez, M. What is the difference between effective number of alleles and observed number of alleles? Available online: <https://www.researchgate.net/post/What-is-the-difference-between-effective-number-of-alleles-and-observed-number-of-alleles/562a2f416307d92a918b4625/citation/download>. (accessed on

Piqueras, J.F. Polimorfismos en el ADN humano. In *Proceedings of the Análisis y metodologías en diagnóstico y terapia génica: I reunión científica en biología celular y molecular*, La Coruña, 1993; pp. 9–25.

Pritchard, J.K.; Stephens, M.; Donnelly, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 2000, 155, 945–959.

Puigserver i Gil de Sola, G. Els animals domèstics de raça autòctona de Mallorca. PRAM (Patronat de les Races Autòctones de Mallorca): Mallorca, Spain, 1998.

Puth, M.-T.; Neuhäuser, M.; Ruxton, G.D. Effective use of Pearson's product-moment correlation coefficient. *Animal behaviour* 2014, 93, 183-189.

Quintero-Rincon, A.; D'Giano, C.; Risk, M. Epileptic seizure prediction using Pearson's product-moment correlation coefficient of a linear classifier from generalized Gaussian modeling. arXiv preprint arXiv:2006.01359 2020.

Radko, A.; Rubiś, D.; Szumiec, A. Analysis of microsatellite DNA polymorphism in the Tatra Shepherd Dog. *Journal of Applied Animal Research* 2018, 46, 254-256.

Ramos Font, M.E.; Castillo Ruiz, J. Patrimonio genético agrario: reconocimiento y conservación. 2015.

Ratner, B. The correlation coefficient: Its values range between $+1$ or -1 , or do they? *Journal of targeting, measurement and analysis for marketing* 2009, 17, 139-142.

Raymond, M. Population genetics software for exact test and ecumenicism. *J Heredity* 1995, 86, 248-249.

Rey Pérez, J.L. Los derechos de los animales en serio. *Los derechos de los animales en serio* 2018, 1-236.

Reynolds, J.; Weir, B.S.; Cockerham, C.C. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics* 1983, 105, 767-779.

Reza, J. Nuevo diagnostico de necesidades de capacitacion y aperndizaje en las organizaciones; Panorama Editorial: Mexico City, Mexico, 2006.

Rico Bermúdez, J. Un nuevo estimador muestral de regresión vía residuos ortogonales derivados del análisis de componentes principales. 2009.

Riveros, J.E.B. La selección de razas caninas: Aspectos legales y consecuencias; Servei de Publicacions de la Universitat Autònoma de Barcelona: 2020; Volume 3.

Rodero, E.; Herrera, M. El concepto de raza. Un enfoque epistemológico. *Arch. Zootec.* 2000, 49, 5-16.

Rodríguez, A.M.D. Recuperación Y Reconocimiento Formal De La Raza Canina Pastor Garafiano. *Rev. Est. Gen. Isla Palma* 2005, 91-116.

Roy-García, I.; Rivas-Ruiz, R.; Pérez-Rodríguez, M.; Palacios-Cruz, L. Correlación: no toda correlación implica causalidad. *Revista Alergia México* 2019, 66, 354-360.

Rubio, M.C.; Briz, R.C.; de Luján, S.H. Estudio etnológico del Perro Ratonero Valenciano (Gos Rater Valencià): resultados preliminares. *Arch. Zootec.* 1998, 47, 479-486.

Rudd Garcés, G. Análisis genético de enfermedades osteoarticulares en animales de compañía. Phd Thesis. Universidad Nacional de La Plata, 2022.

Salas Aznar, M.; Cepero Briz, R.; Monteagudo Ibáñez, L.V. Evolución y situación actual de la raza canina Mastín del Pirineo. Final Degree Project, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain, 2018.

Salvador, A.d.À.L. Die Balearen in wort und bild geschildert; Brockhaus, F.A.: Leipzig, Alemania, 1869.

Sams, A.J.; Ford, B.; Gardner, A.; Boyko, A.R. Examination of the efficacy of small genetic panels in genomic conservation of companion animal populations. *Evolutionary Applications* 2020, 13, 2555-2565.

San José, C.; Cárcel, M.J.; Tejedor, M.T.; Monteagudo, L.V. Microsatellite DNA markers applied to the classification of the Podenco Valenciano canine breed. *Italian Journal of Animal Science* 2018, 17, 49-52.

- Sánchez Rodríguez, M.; Muñoz Mejías, E. Reglamentación específica del libro Genealógico de la Raza Caprina Florida. Federación Española de Asociaciones de Ganado Selecto: Madrid, Spain, 2003.
- Santana, M.L.; Bignardi, A.B. Status of the genetic diversity and population structure of the Pêga donkey. *Trop. Anim. Prod. Health.* 2015, 47, 1573-1580.
- Sanz, I.G. Plan De Desarrollo Del Programa Nacional De Conservación, Mejora Y Fomento De Las Razas Ganaderas. *Profesión veterinaria* 2009, 16, 24-33.
- Sargolzaei, M.; Iwaisaki, H.; Colleau, J.J. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. In *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production: Belo Horizonte-MG, Brazil, MinasCentro Convencion Centre, August 13-18, 2006.*
- Scherf, B.D. Lista mundial de vigilancia para la diversidad de los animales domésticos; FAO, Roma (Italia): 1997.
- Schmutz, S.M.; Berryere, T.G.; Dreger, D.L. MITF and white spotting in dogs: a population study. *J. Hered.* 2009, 100, S66-S74.
- Schober, P.; Boer, C.; Schwarte, L.A. Correlation coefficients: appropriate use and interpretation. *Anesthesia & analgesia* 2018, 126, 1763-1768.
- Scientific; Haeringen, F. 'Applied Genetics in Companion Animals', . 2019.
- Sechi, S.; Polli, M.; Marelli, S.; Talenti, A.; Crepaldi, P.; Fiore, F.; Spissu, N.; Dreger, D.L.; Zedda, M.; Dimauro, C. Fonni's dog: morphological and genetic characteristics for a breed standard definition. *Ital. J. Anim. Sci.* 2017, 16, 22-30.59.
- Serrote, C.M.L.; Reiniger, L.R.S.; Silva, K.B.; dos Santos Rabaiolli, S.M.; Stefanel, C.M. Determining the Polymorphism Information Content of a molecular marker. *Gene* 2020, 726, 144175.
- Silveira, C.; Capote, C.B.; Fernández, G. El perro Cimarrón, la raza canina autóctona del Uruguay. *Archivos de zootecnia* 1998, 47, 533-536.
- Simonetti, L.; Lynch, G.; Pucheta, M.; Ghibaudi, M. Relaciones entre Variables del Comportamiento Sexual en Ovejas Frisona Servidas a Corral. II Jornada de pequeños rumiantes y camélidos sudamericanos, 54.
- Smithson, M. Confidence intervals; Sage: 2003.
- Solano-Gallego, L.; Llull, J.; Ramos, G.; Riera, C.; Arboix, M.; Alberola, J.; Ferrer, L. The Ibiza hound presents a predominantly cellular immune response against natural Leishmania infection. *Veterinary parasitology* 2000, 90, 37-45.
- Solomon, E.M., C.; Martin, D.W.; Berg, L.R. *Biology*, 10th ed.; Brooks Cole: Boston, Massachusetts, USA, 2015.
- Spearman, C. The proof and measurement of association between two things. *International journal of epidemiology* 2010, 39, 1137-1150.
- Sponenberg, D.P. Genetics of coat colour and hair texture. The genetics of the dog, CABI Publishing: Wallingford, UK, 2001, 61-85..
- Stevens, R.; Townsley, M. Canine serum transferrins. *J. Heredity* 1970, 61, 71-73.
- Swofford, D.L.; Selander, R.B. BIOSYS-1: a FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics and systematics. *J. Heredity* 1981, 72, 281-283.
- Tibaduiza Castañeda, L.P.; Jiménez Sabogal, H.R.; Rugeles Barandica, L.A.; Cañar Serna, D.Y.; González Almario, C.; Azcárate Rodríguez, S.; Manrique Perdomo, C.; Grajales Lombana, H.A.; Lucero Casanova, C.E.; Telo da Gama, L. Recursos zoogenéticos: conservación, caracterización y gestión de su biodiversidad. 2021.

- Urosevic, M.; Drobnjak, D.; Stojic, P.; Oğrak, Y.Z. Morphometric characterization of the Akbaş (Akbash) Turkish shepherd dog. *Turk. J. Agric. Food Sci. Tech.* 2020, 8, 1571-1576.
- Vaiman, D.; Mercier, D.; Moazami-Goudarzi, K.; Eggen, A.; Ciampolini, R.; Lépingle, A.; Velmala, R.; Kaukinen, J.; Varvio, S.-L.; Martín, P. A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mammalian Genome* 1994, 5, 288-297.
- Valdez, M.A.T. Análisis de la estructura poblacional del Dorado en el noroeste del pacífico Mexicano. 2009.
- Valera Córdoba, M.M.; Vázquez González, I.; Fernández Martín, J. Programa de conservación ex situ. La conservación de la diversidad de razas autóctonas de Andalucía. *Patrimonio ganadero andaluz. Vol III* 2007.
- Vásquez Soto, B. Criterios de selección de perros de intervención asistida. Master Final degree Project, Universidad Internacional de Andalucía, Sevilla, Spain, 2022.
- Vaysse, A.; Ratnakumar, A.; Derrien, T.; Axelsson, E.; Rosengren Pielberg, G.; Sigurdsson, S.; Fall, T.; Seppälä, E.H.; Hansen, M.S.; Lawley, C.T. Identification of genomic regions associated with phenotypic variation between dog breeds using selection mapping. *PLoS genetics* 2011, 7, e1002316.
- Vázquez Muñoz, P.A. Evaluación del impacto del Programa de Desarrollo Rural 2007-2013 (PDR) sobre el sector agrario de las Islas Baleares. Agronomic Engineering Master Degree Final Project, Universitat De Les Illes Balears, Mallorca, Spain, 2018.
- Verde, A.; Fajardo, J.; Rivera, D.; Valdés, A.; Obón, C. Los recursos biológicos en la Manchuela: un Patrimonio Natural y Cultural a proteger. *Revista alaxarch, Revista de Estudios de la Manchuela* 2009.
- Voges, S.; Distl, O. Inbreeding trends and pedigree analysis of Bavarian mountain hounds, Hanoverian hounds and Tyrolean hounds. *J. Anim. Breed. Genet.* 2009, 126, 357-365.
- Voss, K.; Wiestner, T.; Galeandro, L.; Hässig, M.; Montavon, P. Effect of dog breed and body conformation on vertical ground reaction forces, impulses, and stance times. *Vet. Comp. Orthop. Traumatol.* 2011, 24, 106-112.
- Walsh, P.S.; Metzger, D.A.; Higuchi, R. Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *Biotechniques* 1991, 10, 506-513.
- Waples, R.S. Testing for Hardy-Weinberg Proportions: Have We Lost the Plot? *Journal of Heredity* 2014, 106, 1-19, doi:10.1093/jhered/esu062.
- Wiener, A.S.; Lederer, M.; Polayes, S.H. Studies in isohemagglutination: IV. On the chances of proving non-paternity: with special reference to blood groups. *J. Immunol.* 1930, 19, 259-282.
- Wright, S. *Evolution and the genetics of populations: Vol. 2. The theory of gene frequencies*; University of Chicago Press, London, UK, 1969.
- Wright, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 1965, 395-420.
- Yeh, F. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. *Belgian J. Bot.* 1997, 129, 157.

ANEXO I . ARTICLES

Data Mining as a Tool for Balearic Islands Endangered Dog Breed Conservation: Analyzing Censuses and Time Gaps between Creation and Recognition of Protection Structures

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza², Juan Vicente Delgado Bermejo ³ and Francisco Javier Navas González ^{3,*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears), Conselleria d'Agricultura, Pesca i Alimentació, Majorca, Govern Illes Balears, 07009 Palma, Spain; janzor@irfap.es (J.M.A.P.); apons@irfap.es (Á.L.P.B.)

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, Córdoba (España).
angoarvet@outlook.es (A.G.A.)

³ Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, 14071 Córdoba, Spain; juanviagr218@gmail.com (J.V.D.B.)

* Correspondence: fjng87@hotmail.com; Tel.: +34-651-679-262

Simple Summary: This study explores ways to protect endangered dog breeds in the Balearic Islands, focusing on the use of Canonical Discriminant Analysis (CDA) and CHAID decision trees. CDA helps us identify potential issues in our data and ensures reliable analysis by excluding problematic variables. The study found that a single discriminant function is highly effective in distinguishing between breeds, capturing around 100% of the variability. Factors such as the total number of dogs registered influence how we can tell breeds apart. Recognizing and supporting breeder associations quickly is crucial for preserving these endangered breeds. Early efforts like collecting records and establishing breed standards speed up official recognition, stressing the importance of proactive measures for breed conservation. The study also emphasizes the importance of maintaining traditional uses, like hunting, to preserve these breeds. Breeds involved in herding, shepherding, or guarding are more vulnerable, requiring targeted conservation efforts. A comprehensive census, especially focusing on female dogs in the foundational registry, is essential for long-term preservation. This research provides practical insights for breeders, associations, and policymakers, offering effective strategies to preserve biodiversity and the cultural heritage associated with indigenous dog breeds in the Balearic Islands.

Citation: To be added by editorial staff during production.

Academic Editor: Firstname Last-name

Received: date

Revised: date

Accepted: date

Published: date



Copyright: © 2023 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

Abstract: This study aims to provide evidence of the applicability of Canonical Discriminant Analysis (CDA) and CHAID decision trees to investigate the temporal dynamics and census evolution of endangered dog breeds in the Balearic Islands, with a specific emphasis on breeder associations. CDA is pivotal for identifying multicollinearity issues, ensuring reliable analyses by systematically excluding variables with potential collinearity problems. A singular discriminant function captured ≈100% variability, indicating the model's effectiveness in distinguishing across breeds. Factors like breed registry totals shape discrimination patterns. The swift recognition of an association acts as a catalyst and expedites preservation efforts. Early initiatives, such as timely record collection and racial standard formulation, significantly expedite official recognition, emphasizing the crucial role of proactive measures in endangered breed conservation. The study underscores sustaining traditional uses, especially hunting, for breed preservation. Herding/shepherding or Guarding Breeds exhibit greater susceptibility to decline, necessitating targeted conservation. The census of Balearic dog breeds, particularly focusing on females in the foundational registry, emerges as crucial for long-term preservation. This research, with multifaceted insights, serves as a valuable guide for breeders, associations, and policymakers, offering effective conservation strategies for preserving biodiversity and cultural heritage associated with indigenous dog breeds in the Balearic Islands.

Keywords: Temporal Discrepancy; Conservation Strategies; Indigenous Canine Heritage; Preservation Efforts; Traditional Canine Roles

1. Introduction

For millennia, humans and dogs have forged a unique bond, intertwining their destinies. Native dog breeds from various regions of the world carry the legacy of centuries of coevolution between humans and dogs [1] and have become living embodiments of culture, tradition, and utility. Shaped by local environments and human needs, these breeds have long been cherished for their loyalty, versatility, and distinctive traits. However, the invasion of globalization and modernization has endangered many of these native breeds, putting them at risk of extinction and dilution of their genetic heritage.

In the Balearic Islands, five dog breeds are officially recognized: the Ca de Bestiar (CB), Ca de Bou (CBOU), Podenco Ibicenco (PI), Ca Rater mallorquí (CR), and Ca Mè (CM), along with a racial grouping, Ca de Conills de Menorca (CC). The first references for CB were described in 1869 by Archduke Luis Salvador of Austria in his book "Die Balearen in wort und bild geschildert" [2], according to Puigserver i Gil de Sola [3]. The first reference for CBOU, naming it according to Gual Fournier [4], was also made by Archduke Luis Salvador of Austria in the same book. PI was referenced by Count of Lérida in 1930, according to Marí [5]. CR was described by Archduke Luis Salvador of Austria [2], according to Payeras and Falconer [6]. CM was documented in the "Libro de Mostassaf" on August 9, 1392, according to Falconer. CC, according to Puigserver i Gil de Sola [3], referring to the PI was known in Menorca as ca de conills, with a possible common origin with PI, as mentioned by Navas [7].

These breeds were originally selected and bred for specific purposes: CB for guarding native livestock and unwanted visitors [8], CBOU as a prey dog [8], PI for hunting [5], CR for rat-catching [9], CM for a unique hunting method [8], and CC for rabbit hunting [8]. As the breeds' functions were closely tied to the terrain, they adapted to their respective environments.

Since the 1960s, with the influx of tourism, the commercial boom and globalization, native dog breeds in the Balearic Islands have faced the challenge of crossbreeding with foreign breeds. CB, for example, has been crossed with German Shepherds, Dobermans, Mastiffs, and Great Danes [3]. CM has suffered similar crosses with other breeds. These crossings, especially since the 1950s, pose a significant risk to the purity of Balearic breeds [6].

To address these challenges, the official recognition of native dog breeds, the development of pedigree books, and the establishment of breeders' associations are critical pillars in conservation efforts. These components, when carefully integrated, promise not only to preserve the genetic diversity of native dog breeds but also to safeguard their historical, cultural, and functional significance.

In the Balearic Islands, official recognition of recognized dog breed associations was carried out by the Ministry Of Agriculture And Food [10] for CB, CBOU, and PI, and in 2004 [11] for CR and CM upon the request made by the Autonomous Community. The association working with the racial grouping CC was registered in 2010 in the Autonomous Community. After official recognition, pedigree books were established, regulating their operation for CB and CBOU in 2001, CR and CM in 2002, and PI in 2007 [3]. Each association is responsible for maintaining the pedigree book and the records of individuals. The integrity of pedigrees varies among breeds, depending on their functionality [12].

As we delve into the multifaceted world of native dog breeds and their conservation, it becomes evident that much is at stake. The diversity within these breeds, spanning a

wide range of appearances, temperaments, and abilities, is a testament to the adaptability and resilience of the domestic dog. Paradoxically, many of these breeds face the threat of disappearing due to interconnected factors, including the rise of standardized and globally popular breeds, urbanization, changing agricultural practices, and economic pressures.

In the Balearic Islands, the need for functional dogs for specific tasks (hunting, herding, guarding, defense, prey) has diminished, particularly as the primary sector and hunters, who may demand such dogs, become increasingly minority groups [13,14]. The economic engine, especially in tourism, does not require these functional roles. The shift in the role of native breeds from working animals to companions or pets is exemplified by the transformation of CR from a hunting and guarding breed to a pet [9]. This shift, coupled with crossbreeding with foreign breeds, poses the greatest dangers to the loss of identity for Balearic breeds.

In this context, the official recognition of native dog breeds is a crucial first step in conservation. By recognizing the historical and cultural importance of these breeds, governments, canine clubs, and breed organizations provide a legal and moral framework for their preservation. Official recognition brings these breeds out of the shadows, attracting interest, funding, and support from both the public and private sectors. It validates the roles of these breeds within their respective regions and encourages the continuation of these roles in a changing world [3]. Official recognition also elevates native dog breeds from the realm of the "vernacular" or "unofficial" to the sphere of pedigreed dogs, enabling their participation in shows, competitions, and collaborative breeding programs [3].

Baleares, according to Navas [7], accounts for 20% of Spain's heritage of dog breeds, six out of 31, with CC not officially recognized but acknowledged as a racial grouping since 2007 [15]. Efforts are underway to catalogue CC, including breeder and owner visits, census creation, morphological studies for establishing a racial pattern, and molecular characterization studies for filiation and breed assignment.

The official recognition of native dog breeds sets the stage for conservation, acknowledging their historical and cultural significance. It provides a legal and moral framework that attracts support, ensuring the relevance and value of native breeds in contemporary society.

This study aims to contribute empirical evidence supporting the effectiveness of Canonical Discriminant Analysis (CDA) and CHAID decision trees in exploring the temporal dynamics and demographic evolution of endangered dog breeds in the Balearic Islands. A specific focus is placed on understanding the intricate relationships between these breeds and the influential role played by breeder associations in shaping their trajectories.

By employing Canonical Discriminant Analysis, the research seeks to identify key discriminant functions that can elucidate the distinctive temporal patterns observed in the population dynamics of endangered dog breeds. This analytical approach allows for a deeper understanding of the factors contributing to changes in breed demographics over time.

Furthermore, the use of CHAID decision trees enhances the investigation by providing a structured and interpretable framework to analyze the census evolution of these breeds. The decision tree methodology facilitates the identification of critical decision points and underlying associations within the dataset, offering valuable insights into the complex interplay of factors influencing the endangered status of dog breeds in the region.

The study places a specific emphasis on the pivotal role of breeder associations in influencing the temporal dynamics and census trends. By examining the interactions between breeder associations and the demographic changes observed in endangered dog breeds, the research aims to shed light on the mechanisms through which these organizations contribute to the conservation or potential decline of these breeds.

In summary, this research endeavors to comprehensively investigate the temporal dynamics and census evolution of endangered dog breeds in the Balearic Islands. Through the application of Canonical Discriminant Analysis and CHAID decision trees, coupled with a specific focus on breeder associations, the study seeks to provide valuable insights that can inform conservation efforts and sustainable management practices for these vulnerable canine populations.

2. Materials and Methods

2.1. Sample: Breed information

2.1.1. Ca de Bestiar (CB)

The CB is a Spanish canine breed officially recognized since 2001 by the Ministry of Agriculture [10] and by the Balearic Government's Department of Agriculture in 2002. According to the Food and Agriculture Organization (FAO), it is classified as a local, native breed at an unknown risk level. Before being recognized as a breed, the association managing the pedigree book was established as the "Club de Ca de Bestiar" in 1978. Its first breed standard was published in 1980 by the Central Royal Society for the Promotion of Dog Breeds of Spain (Real Sociedad Central de Fomento de las Razas Caninas de España, RSCPFRC), and the current official standard was issued on 14/06/2001 by the Ministry of Agriculture, Fisheries, and Food. The pedigree book was approved on 14/06/2001. The Official Studbook Registered CB census as of 13/10/2023 was 507 animals (260 females and 247 males), with 20 breeders and 317 owners. Regarding its functionality, Anguera Sansó [8] describes it as a herding dog, particularly known for guarding animals, especially sheep.

2.1.2. Ca de Bou (CBOU)

The CBOU is a Spanish canine breed officially recognized since 2001 by the Ministry of Agriculture [10] and by the Balearic Government's Department of Agriculture in 2002. FAO classifies it as a local, native breed at an unknown risk level. Before recognition, the association managing the pedigree book was established as the "Club Espanyol del Ca de Bou" in 1992. Its first breed standard was published in 1932 by RSCPFRC, and the current official standard was issued on 18/02/2017 by the Balearic Government [16]. The pedigree book was approved on 14/06/2001. The Official Studbook Registered CBOU census as of 26/06/2020 was 243 animals (129 females and 114 males), with 43 breeders and 91 owners. Regarding its functionality, Gual Fournier [4] explains its historical use in various roles, including as a bull-catching dog, for hunting, and in dog fights. The CBOU has experienced a resurgence as a guard and surprisingly, as a companion animal [8].

2.1.3. Podenco Ibicenco or Ibicean Hound (PI)

The PI is a Spanish canine breed officially recognized since 2001 by the Ministry of Agriculture and by the Balearic Government's Department of Agriculture in 2005. FAO classifies it as a local, native breed at an unknown risk level. Before recognition, the association managing the pedigree book was established as the "Associació de Criadors del Ca Eivissenc d' Eivissa i Formentera" in 1982. Its first breed standard was published in 1930 by RSCPFRC, and the current official standard was issued on 14/06/2001 by the Ministry of Agriculture. The pedigree book was approved on 18/01/2007. The Official Studbook Registered PI census as of 28/05/2020 was 1037 animals (901 females and 136 males), with 91 owners. Regarding its functionality, Anguera Sansó [8] describes the PI as a symbol of traditional rabbit hunting without firearms.

2.1.4. Ca Rater (CR)

The CR is a Spanish canine breed officially recognized since 2004 by the Ministry of Agriculture [11] and by the Balearic Government's Department of Agriculture in 2002 [17]. FAO classifies it as a local, native breed at an unknown risk level. Before recognition, the association managing the pedigree book was established as the "Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí" in 1990. Its first official breed standard was published in 2002 by the Conselleria de Agricultura i Pesca del Govern Balear, and the current official standard was issued on 30/04/2004 by the Ministry of Agriculture. The pedigree book was approved on 18/12/2002. The Official Studbook Registered CR census as of 08/03/2023 was 2119 animals (1114 females and 1005 males), with 20 breeders and 317 owners. Regarding its functionality, Anguera Sansó [8] describes the CR as a great house guardian, skilled in hunting rats and rabbits, and an excellent companion animal.

2.1.5. Ca Mè (CM)

The CM is a Spanish canine breed officially recognized since 2004 by the Ministry of Agriculture and by the Balearic Governmental Department of Agriculture in 2002. FAO classifies it as a local, native breed at an unknown risk level. Before recognition, the association managing the pedigree book was established as the "Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya" in 1996. Its first breed standard was published in 2002, and the current standard was issued on 30/04/2004 by the Ministry of Agriculture. The pedigree book was approved on 18/12/2002. The Official Studbook Registered CM census as of 21/02/2018 was 654 animals (356 females and 298 males), with 60 breeders and 359 owners. Regarding its functionality, Anguera Sansó [8] notes its strength in hunting, particularly its ability to hunt rabbits in non-flat and dense terrains.

2.1.6. Ca de Conills (CC)

The CC is a canine racial group officially recognized in the Balearic Islands since 2007 by the Department of Agriculture [15]. It is not classified as a breed by the Ministry of Agriculture, Fisheries, and Food, and therefore, it does not appear in the FAO's DAD-IS. The association managing this racial group was established as the "Associació de Criadors i Coservadors de Ca de Conills De Menorca" in 2010. It does not have an official standard or an approved pedigree book. The CC census as of 16/10/2023 was 316 animals (220 females and 96 males), with 38 breeders and 44 owners. Efforts have been made since 2019 to categorize this racial group as a breed, including genetic characterization, judge training, breeder visits, and functionality assessments.

Regarding its functionality, Navas [18] describes the CC as having a hunting attitude based on smell, hearing, and sight. It excels in hunting rabbits in group settings, displaying a distinctive bark when locating a trail. The CC is a robust animal adaptable to various terrains.

2.2. Statistical Analysis

2.2.1. Canonical Discriminant Analysis (CDA)

2.2.1.1. CDA Methodology.

Canonical Discriminant Analysis (CDA) serves as a powerful statistical tool for breed classification. This comprehensive analysis was undertaken to create a robust classification tool capable of discerning intricate patterns within and between breeds based on the information available about them and their associations. Table 1 reports the different variables considered in the present CDA as explicative (independent variables). These variables were chosen given they permit the characterization of the timeline described by breed associations from their origins to their recognition at a national level,

and of the evolution of censuses in the breeds that they protect. The linear relationship between combinations of the aforementioned variables were considered to determine clustering patterns considering the breed as a dependent variable (clustering pattern). The discriminant routine of the Classify package of SPSS version 26.0 software and the canonical discriminant analysis routine of the Analyzing Data package of XLSTAT software (Addinsoft Pearson Edition 2014, Addinsoft, Paris, France) were used to perform canonical discriminant analysis.

Table 1. Variables that explain timeline and census evolution in breeder associations.

Cluster	Variable	Levels
Use	Use	Hunting/Ratting or Guard/Shepherding
	Pet Leisure	Yes/No
Type	Type	Breed Agroupation or Pure Breed
Timing	Time from first registries to recognition of first standard	Measured in Years
	Time from breed first recognition to association foundation	
	Time from first standard to official recognition of standard	
	Time from association foundation to autonomic official recognition of the association	
	Time from association foundation to national official recognition of the association	
	Time from autonomic official recognition to studbook recognition	
Registry Information	RI Females	Fundational Registry Females
	RAN Females	Birth Auxiliary Registry Females
	RA Females	Auxiliary Registry Females
	RPN Females	Birth Definitive Registry Females
	RD Females	Definitive Registry Females
	RI Males	Fundational Registry Males
	RAN Males	Birth Auxiliary Registry Males
	RA Males	Auxiliary Registry Males
	RPN Males	Birth Definitive Registry Males
	RD Males	Definitive Registry Males
	RI Total	Fundational Registry Total
	RAN Total	Birth Auxiliary Registry Total
	RA Total	Auxiliary Registry Total
	RPN Total	Birth Definitive Registry Total
	RD Total	Definitive Registry Total
Total	Total Census	

257
258
259
260
261
262
263
264
265
266

2.2.1.2. Canonical Relationship Plotting

The initial step involved the visualization of canonical relationships to provide a spatial representation of group differences. Leveraging regularized forward stepwise multinomial logistic regression algorithms, variable selection was carried out, taking into account prior probabilities based on group sizes. This meticulous approach aimed to optimize the efficiency of the subsequent discriminant analyses.

2.2.1.3. Sample Size Consideration

A critical aspect of the study was the adherence to robust sample size practices. Maintaining a ratio of 4-5 times higher observations to independent variables ensured statistical power, a crucial element in achieving meaningful and reliable results. This approach followed the recommendations of established research practices, which emphasized the importance of sample size in maintaining analytical rigor.

2.2.1.4. Multicollinearity Analysis

To ensure the integrity of the analyses, an in-depth examination of multicollinearity was conducted. Variance inflation factor (VIF) and tolerance were employed to gauge the linear relationships among predictors. A VIF threshold of 5 was utilized to identify and mitigate potential multicollinearity issues.

2.2.1.5. Canonical Correlation Dimension

The exploration of canonical correlations provided insights into the relationships between sets of variables. Particular emphasis was placed on canonical correlation values exceeding 0.30, indicating a substantial proportion of explained variance in the dataset.

2.2.1.6. Discriminant Analysis Efficiency

Efficiency in discriminant analysis was gauged through Wilks' lambda test, assessing the significance of variables in the discriminant function. The χ^2 test examined the significance of Wilks' Lambda, providing crucial insights into the well-explained group adscription.

2.2.1.7. Discriminant Model Reliability

The reliability of the discriminant analysis model was evaluated through Pillai's trace criterion, specifically suitable for cases of unequal sample sizes. Significance at a level of 0.05 or below indicated the statistical significance of the predictor set in explaining variations in timeline and censuses related variables across distinct breeds.

2.2.1.8. Canonical Coefficients and Loading Interpretation

Canonical coefficients played a pivotal role in the interpretation of discriminating variables. Variables with substantial discriminant loading ($\geq |0.40|$) were identified, contributing significantly to the classification. The stepwise procedure technique ensured the exclusion of nonsignificant variables.

2.2.1.9. Discriminant Function Reliability: Validation and Cross-Validation

The cross-validation phase involved leave-one-out analysis, determining the probability of correct breed classification. The evaluation utilized Press's Q statistic, comparing the classification rate against a critical χ^2 value. This rigorous assessment provided insights into the generalizability and reliability of the discriminant functions. Following the decision tree construction, the study transitioned to cross-validation to validate the set of predictors and measure prediction accuracy. The leave-one-out cross-validation procedure assessed the likelihood that an breed of unknown background ascribes to the pattern of a breed use for leisure/as a pet r has preserved its traditional functionality (hunting/ratting or shepherding/guarding). The hit ratio, computed based on the relative distance of the observation to the centroid of its closest group, provided a percentage of

correctly classified breeds. Press's Q statistic was employed to compare the discriminating power of the cross-validated function, with a 6.63 critical χ^2 value determining significance. If Press's Q exceeded this critical value, the cross-validated classification rate was considered at least 25% significantly higher than chance, indicating achieved classification accuracy.

2.2.2. Data Mining CHAID

The CHAID decision tree analysis was conducted using the CHAID package in both SPSS version 26.0 software and XLSTAT software (Addinsoft Pearson Edition 2014, Addinsoft, Paris, France). In SPSS, CHAID (Chi-squared Automatic Interaction Detection) trees can be created using the "CHAID" analysis procedure. The CHAID analysis is available under the "Categorical" section in the "Analysis" menu. In XLSTAT, CHAID (Chi-squared Automatic Interaction Detection) trees can be created using the "Decision Trees" module.

2.2.2.1. Decision Tree

The data mining phase utilized the Chi-squared automatic interaction detection (CHAID) decision tree methodology to examine whether a breed's use as a pet or its traditional work functionality influences the timeline in protection structure development and census patterns. CHAID, a technique focused on classification, prediction, and data interpretation, employed a root node, branches, and leaf nodes. Internal nodes were created around variables related to the timeline and census evolution, guided by a Chi-square test significance split criterion ($P < 0.05$). Pruning processes, both pre and post, were implemented to prevent overcomplication and ensure the inclusion of branches significantly contributing to the overall fit. The decision tree, analogous to forward stepwise regression, aimed to capture significant relationships among independent variables. Each branch represented outcomes of the test, while leaf nodes indicated category levels of the target variable, specifically whether breeds are considered pets or not. This approach enabled an exploration of the intricate interplay between a breed's functional role and its impact on the temporal and census aspects of protection structures.

2.2.2.2. Decision Tree Reliability: Validation and Cross-Validation

The cross-validation of the decision tree was essential to validate its generalizability to novel and yet-to-be-explored breeds. To achieve this, the complexity parameter and cross-validated error rate were instrumental in selecting a tree that balances accuracy and simplicity. A leave-one-out cross-validation approach was employed to mitigate overfitting risks and enhance the predictive accuracy of the model for diverse breeds.

3. Results

3.1. Canonical Discriminant Analysis

3.1.1. Multicollinearity Analysis of Timelines and Censuses

In evaluating the reliability of the canonical discriminant analysis model, a thorough examination of multicollinearity was conducted (see Table S1). The statistical assessment involved tolerance and variance inflation factor (VIF) values for various factors influencing the analysis. Notably, the time from the first registries to the recognition of the first standard exhibited a tolerance of 0.646 and a VIF of 1.549. Similarly, the time from breed first recognition to association foundation displayed a tolerance of 0.820 and a VIF of 1.219. The time from association foundation to national official recognition of the association demonstrated a high tolerance of 0.930 and a low VIF of 1.075. On the other

hand, the time from autonomic official recognition to studbook recognition showcased a moderate tolerance of 0.411 and a relatively higher VIF of 2.435. We observed that tolerance for the foundational registry of females was 0.400, and VIF was 2.499. It is noteworthy that certain variables related to registry females and males, as well as aspects like use (hunting/ratting, guard/shepherding), and breed type (breed aggregation, pure breed) exhibited a tolerance of 0.000 and a VIF of 0.000, suggesting potential collinearity issues. As a result, these variables were excluded from subsequent analyses to ensure the robustness and validity of the canonical discriminant analysis model.

3.1.2. Model Reliability and Explanatory Potential

The Wilks' Lambda test, employing Rao's approximation, yielded a remarkably low Lambda value of 0.003. This outcome, along with the observed F-value of 75.409, suggests a significant differentiation among the groups under consideration. However, when compared to the critical F-value of 224.583, the p-value of 0.05 reaches conventional statistical significance at the alpha level of 0.05. Despite this, the exceptionally low Lambda value implies substantial variation between the groups, warranting further investigation.

3.1.3. Analysis Efficiency

The results of the discriminant analysis reveal a single discriminant function (F1) with a substantial eigenvalue of 301.638. This indicates that F1 captures the entire variability in the data, reaching a discrimination percentage of 100% and a cumulative percentage of 100%. These findings underscore the effectiveness of the discriminant function in distinguishing between the groups under consideration. Furthermore, Bartlett's test for eigenvalue significance yielded a statistically significant result, with an eigenvalue of 301.638, Bartlett's statistic of 11.425, and a p-value of 0.022. The significance of Bartlett's test suggests that the eigenvalue for the discriminant function is not due to random chance, reinforcing the validity of the discriminant function in effectively discriminating among the groups. These results collectively affirm the robustness and reliability of the discriminant analysis in capturing and explaining the variability in the dataset, emphasizing the meaningful discriminatory power of the derived discriminant function.

3.1.4. Discriminant Potential

The unidimensional test of equality of means across various variables provides insights into the discriminative power of these factors in the context of the discriminant analysis. The Lambda values, ranging from 0.481 to 1, indicate the effectiveness of each variable in discriminating between the defined classes. A Lambda value of 1 signifies no discriminatory power, while values approaching 0 suggest a higher discriminatory potential. Notably, the variable "Definitive Registry Total (RD Total)" stands out with a relatively low Lambda of 0.481, indicating that it contributes significantly to the discrimination among classes. Additionally, the F-statistics and associated p-values further emphasize the discriminatory power of "Definitive Registry Total (RD Total)" with a statistically significant result ($F = 4.316, p < 0.05$).

Afterwards, the variable "Time from Breed First Recognition to Association Foundation" demonstrates moderate discriminative potential with a Lambda value of 0.900 and an associated F-statistic of 0.444 ($p > 0.05$), indicating its contribution to discriminating among the defined classes in the unidimensional test.

In contrast, variables such as "Time from first registries to Recognition of the first standard" and "Use-Hunting/Ratting" exhibit higher Lambda values, suggesting less discriminatory potential in distinguishing among the defined classes, but still their relevance to discriminante across breeds. These findings highlight the variable-specific

contributions to discriminative power, guiding the interpretation of the results and emphasizing the relevance of certain factors in characterizing the groups under consideration.

3.1.5. Discriminant Coefficients and Classification Patterns

The discriminant coefficients offer valuable insights into the variables influencing the discrimination among defined classes. In F1, the coefficient for "Time from first registries to Recognition of the first standard" is -9.994, indicating that a shorter duration in initiating breed records is associated with a higher likelihood of discrimination. Similarly, "Time from Breed First Recognition to Association Foundation" has a coefficient of -3.707, emphasizing the importance of a swift transition from breed recognition to association establishment. Notably, variables related to the recognition of females in foundational and total registries, including Foundational Registry Females (RI Females), Birth Auxiliary Registry Females (RAN Females), Auxiliary Registry Females (RA Females), Birth Definitive Registry Females (RPN Females), and Definitive Registry Females (RD Females), as well as their male counterparts and total registries (RI Males, RAN Males, RA Males, RPN Males, RD Males, RI Total, RAN Total, RA Total, RPN Total, RD Total), exhibit no discriminatory influence with coefficients of 0.000. Conversely, "Definitive Registry Total" (RD Total) demonstrates a significant discriminative effect with a coefficient of 12.950, suggesting that the number of registered females in the definitive registry significantly contributes to discrimination among the classes. The negative coefficient of -4.908 for "Use-Hunting/Ratting" highlights that a higher emphasis on hunting/ratting purposes reduces the likelihood of discrimination in the defined classes. Overall, these discriminant coefficients elucidate the specific temporal and categorical factors shaping the discrimination patterns within the studied context.

3.2. Discriminant Analysis and CHAID Tree

3.2.1. Analysis

The CHAID decision tree analysis delved into the intricate relationships within the dataset, particularly focusing on the timeline and census evolution variables concerning breed associations. At the root node (Node 1), the analysis began with six objects, distributing them across subsequent nodes based on the statistical significance of relevant variables. Node 2 and Node 3, emanating from Node 1, further split the dataset based on the time from association foundation to national official recognition. Node 2, with a p-value of 0.500, created two branches, leading to Node 4 and Node 5, which explored the impact of different uses, specifically Guard/Shepherding and Hunting/Ratting, respectively. Notably, Node 4 revealed that breeds associated with Guard/Shepherding have a 100% purity rate. Meanwhile, Node 5 demonstrated that among breeds associated with Hunting/Ratting, those with a Foundational Registry of Females (RI Females) ranging from 356 to 735 exhibited 100% purity. These findings, elucidated through the CHAID decision tree, offer a nuanced understanding of the factors influencing the development of protection structures and census evolution in native dog breeds, providing valuable insights for breeders, associations, and conservation policymakers in the Balearic Islands. Figure 1 shows CHAID Tree representation.

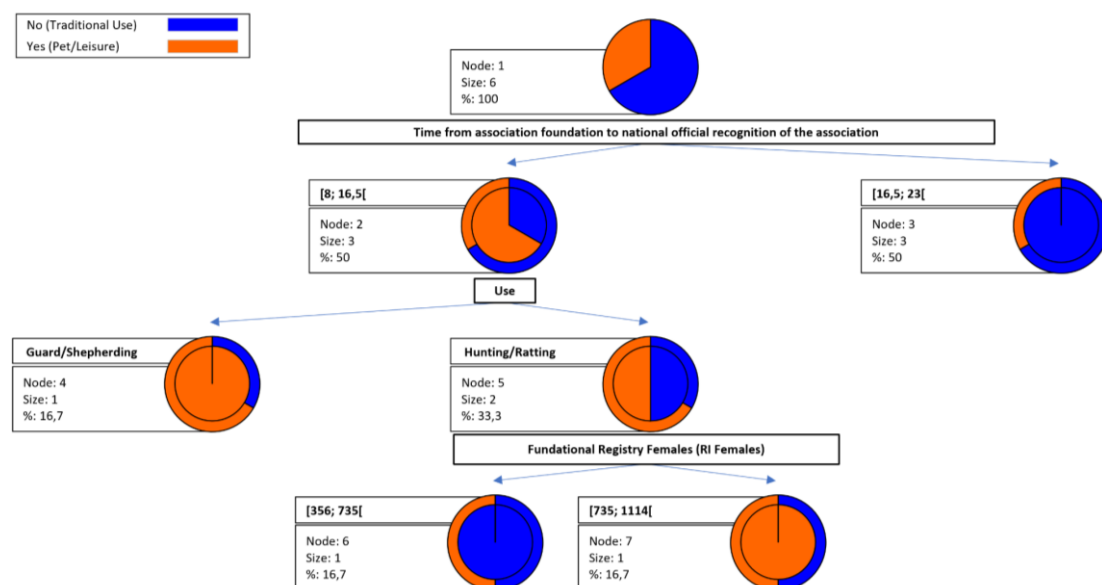


Figure 1. CHAID Decision Tree exploring how a breed’s functionality as a pet or in traditional work impacts protection structure timelines and census patterns.

466

467

468

3.2.2. Reliability: Cross-Validation

469

Tables 2 and 3 present classification and leave-one-out cross-validation results. A Press's Q value of over 6.63 supported predictions significantly better than chance at a 95% confidence level. Ten-fold cross-validation reported similar resubstitution and cross-validation error rates, indicating the optimal depth of the CHAID tree and supporting the robustness of the results.

470

471

472

473

474

475

Table 2. Prior and posterior classification, membership probabilities, scores and squared distances.

476

477

Observation	Prior	Posterior	No	Yes
Ca de Conills	No	No	1	0
Podenco Ibicenco	No	No	1	0
Ca de Bou	Yes	Yes	0	1
Ca de Bestiar	No	Yes	0	1
Ca Rater Mallorquí	Yes	Yes	0	1
Ca Mè Mallorquí	No	Yes	0	1

No: Traditional use is conserved.; Yes: Traditional use is lost in favour in the use of the breed as a pet or for leisure.

478

479

The confusion matrix provided indicates that the model achieved 66.67% overall accuracy in predicting the correct classes. However, it's essential to analyze the sensitivity and specificity to gain insights into the model's performance for each class.

480

481

482

For the class "Yes" (indicating a positive condition), the model achieved 100% sensitivity. This means that the model correctly identified all instances of the positive class among the actual positive instances. On the other hand, for the class "No" (indicating a negative condition), the model demonstrated 50% specificity. This suggests that the model correctly identified only half of the actual negative instances.

483

484

485

486

487

While achieving perfect sensitivity for the positive class is favorable, the lower specificity for the negative class indicates room for improvement. Depending on the application, a balance between sensitivity and specificity may be crucial. The results suggest that the model is better at detecting positive instances but may need refinement to reduce false positives for negative instances.

Table 3. Confusion matrix for the leave-one-out cross-validation results.

from \ to	No (Traditional use is preserved)	Yes (Traditional use is lost in favour of their use as a pet)	Total	% correct
No (Traditional use is preserved)	2	2	4	50,00%
Yes (Traditional use is lost in favour of their use as a pet)	0	2	2	100,00%
Total	2	4	6	66,67%

4. Discussion

The evaluation of timelines in breeder associations and protection structures, as well as the evolution of breed census, requires robust analytical tools to derive meaningful insights. Canonical Discriminant Analysis (CDA) and CHAID (Chi-squared Automatic Interaction Detection) interaction decision trees emerge as particularly suitable methodologies for this purpose. CDA proves advantageous in discerning temporal patterns and relationships between various temporal factors, such as the initiation of breed records, official recognition timelines, and association establishment [19]. By transforming the original variables into a set of canonical variables, CDA provides a comprehensive understanding of how these temporal elements interact and influence the overall protection structures of indigenous dog breeds. On the other hand, CHAID decision trees offer an effective means to explore the hierarchical relationships within breed census evolution, revealing critical thresholds and population dynamics that influence functionality and potential risks. The ability of CHAID to automatically detect significant interactions between variables makes it adept at capturing the intricate interplay of factors influencing breed census, including the number of registered females and recognition timelines [20]. In tandem, these analytical approaches offer a nuanced perspective on the temporal and census-related aspects of breed protection, enhancing the precision and depth of insights for breeders, associations, and policymakers involved in the conservation of native dog breeds in the Balearic Islands.

The preservation of native dog breeds is a crucial aspect of maintaining biodiversity and cultural heritage. Our analysis focused on key factors influencing the functionality of indigenous dog breeds in the Balearic Islands, with a particular emphasis on time, breed functionality, and population census. Our findings underscore the pivotal role of time in the preservation of indigenous dog breeds. The initiation of the first records serves as a fundamental aspect, elucidating two critical timeframes. First, the period from the publication of the initial unofficial breed standard to its official recognition plays a pivotal role. A shorter duration from the first registration of animals to the publication of the unofficial standard correlates with a quicker official recognition of the breed standard. This emphasizes the necessity of promptly initiating unofficial records, especially for breeds lacking an official standard. Second, the time elapsed from the establishment of the initial records to the publication of the first unofficial breed standard and from the official

recognition of the breed to the recognition of the pedigree book provides valuable insights. The early initiation of unofficial records accelerates the official recognition of the pedigree book for native breeds. This highlights the critical importance of initiating pedigree records for native breeds as a key point in the protective framework.

The discussion also delves into the temporal dynamics of association recognition, emphasizing its impact on breed advancement. Recognition, whether at the national or regional level, significantly influences the breed's progress. Our analysis reveals that national recognitions take precedence over regional ones, underlining the need for timely and preferably national recognition for effective breed protection [21]. Associations, as integral components of breed preservation, play multifaceted roles in social, political, technological, and cultural spheres. The involvement of associations in various activities, such as contests, fairs, and specialized events, is crucial for the breed's visibility and protection. The recognition of associations emerges as a critical point, with national recognition carrying more weight in the overall protective structure [19].

Our study underscores the importance of the functionality of indigenous dog breeds, specifically in the context of their traditional use. The time elapsed from the foundation of an association to its national official recognition serves as a critical threshold, set at 16.5 years. Breeds that have preserved their functionality generally exceed this time frame, while those falling below it may prioritize being used as pets over maintaining their traditional functions. Interestingly, certain breeds, particularly those traditionally used for hunting, have managed to maintain their functionality even within the 16.5-year threshold. This suggests that traditional uses, such as hunting, can act as protective factors against the loss of functionality. However, breeds with traditional roles like guarding or herding may face challenges, potentially influenced by external factors like crossbreeding with international or other native breeds.

The population census, specifically the number of registered females in the foundational registry, emerges as a crucial factor in breed protection. The FAO classification, ranging from extinct to not at risk, provides a comprehensive framework for assessing the risk status of breeds [20]. Breeds with a census of females exceeding 735 in the foundational registry are observed to lose functionality in favor of becoming pets. Conversely, breeds with census figures below 735 and above 356 have maintained traditional functions, particularly in hunting, and have achieved national recognition within a shorter time frame.

The cross-validation of data further supports our conclusions, indicating that certain breeds, such as PI and CC, are not at risk of losing their traditional functionality, emphasizing their continued importance in activities like hunting. However, breeds like CBOU and CR have transitioned into pet roles, necessitating proactive measures to preserve their unique characteristics. The example of CM, implementing functional tests related to its traditional use of hunting, serves as a valuable strategy to maintain breed functionality, and counteract the trend of becoming pets.

5. Conclusions

Preserving the indigenous dog breeds of the Balearic Islands is crucial, demanding the establishment of protective structures to prevent functional loss and potential extinction. Our study underscores the official recognition of an association as the primary safeguard, expeditiously advocating for shared interests and catalyzing activities focused on breed specimens. Key activities within the association, such as early collection of animal records and formulation of a racial standard, hasten their eventual official recognition. Sustaining traditional uses, especially hunting, is vital, with hunting activities proven to preserve breeds designed for this purpose. Conversely, breeds involved in herding and guarding show greater susceptibility to functional decline. A census of Balearic dog breeds, specifically females in the foundational registry, ranging from 356 to 735, emerges as a crucial measure for habitual use and preservation. These protective

strategies can serve as a model for other dog breeds undergoing official recognition processes, particularly for Balearic breeds like the CC, which initiated such efforts in 2019.

Supplementary Materials: The following supporting information can be downloaded at: www.mdpi.com/xxx/s1, Table S1: Multicollinearity analysis of timeline and census evolution in breeder associations. Red marks variable to be discarded on each round, Yellow marks variables which may potentially be discarded at further rounds, Green marks variables for which being discarded in previous round is not presumible.

Author Contributions: Conceptualization, José Manuel Alanzor Puente and Francisco Javier Navas González; Data curation, José Manuel Alanzor Puente and Francisco Javier Navas González; Formal analysis, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza and Francisco Javier Navas González; Funding acquisition, Águeda Laura Pons Barro and Juan Vicente Delgado Bermejo; Investigation, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Methodology, Francisco Javier Navas González; Project administration, Águeda Laura Pons Barro and Juan Vicente Delgado Bermejo; Resources, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza and Juan Vicente Delgado Bermejo; Software, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza and Francisco Javier Navas González; Supervision, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Validation, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Visualization, Águeda Laura Pons Barro and Juan Vicente Delgado Bermejo; Writing – original draft, José Manuel Alanzor Puente and Francisco Javier Navas González; Writing – review & editing, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. All authors read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: The present research was carried out during the covering period of a Ramón y Cajal Post-Doctoral Contract with the reference MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union “NextGenerationEU”/PRTR.

Institutional Review Board Statement: Not applicable.

Informed Consent Statement: Not applicable.

Data Availability Statement: Data will be made available from corresponding author upon reasonable request. Table S1: Multicollinearity analysis of timeline and census evolution in breeder associations.

Acknowledgments: The authors express sincere gratitude to the Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí, and Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya for their invaluable support and collaboration in making public essential insights and data that were eventually used for this study. The commitment and dedication of these organizations to the preservation and promotion of canine breeds in the Balearic Islands have significantly enriched the research, enabling their comprehensive understanding and permitting the evaluation of the genetic dynamics and evolutionary patterns of the breeds and breed groups present in the archipelago. Their expertise and contributions have been instrumental in advancing our knowledge of the breed populations, reflecting their deep commitment to the conservation and welfare of these unique canine breeds.

Conflicts of Interest: The authors declare no conflict of interest.

References

- Berón, M.A.; Prates, L.R.; Prevosti, F.J. *Una Historia De Perros: Mitos Y Certezas Sobre Su Origen Y Dispersión En América*. Universidad Nacional de La Plata: Buenos Aires, Argentina, 2015.
- Salvador, A.d.À.L. *Die Balearen in wort und bild geschildert*; Brockhaus, F.A.: Leipzig, Alemania, 1869.
- Puigserver i Gil de Sola, G. *Els animals domèstics de raça autóctona de Mallorca*. PRAM (Patronat de les Races Autòctones de Mallorca): Mallorca, Spain, 1998.

4. Gual Fournier, S. *El Ca de Bou. El mítico Perro de Presa Mallorquí*; Ed. Sergio Gual Fournier: Mallorca, Spain, 2010. 631
5. Marí, A.P. *Races autòctones de les Pitiüses*; Genial: Ibiza, Spain, 2003. 632
6. Payeras, Ll.; Falconer, J.. *El Ca Rater Mallorquí*; Oficina de la caça. Departament de Medi Ambient i Natura. Consell de Mallorca: Mallorca, Spain, 1998. 633
634
7. Navas, F.J. Jornada sobre el Ca de Conills de Menorca, 4-5 July, 2020, Mercadal, Menorca, Spain. 635
8. Anguera Sansó, B. *Races Autòctones de les Illes Balears*; Conselleria d'Agricultura i Pesca. Govern de les Illes Balears, 2003. 636
9. Alanzor Puente, J.M.; Pons Barro, Á.L.; de la Haba Giraldo, M.R.; Delgado Bermejo, J.V.; Navas González, F.J. Does functionality condition the population structure and genetic diversity of endangered dog breeds under island territorial isolation? *Animals* **2020**, *10*, 1893. 637
638
639
10. Spanish Ministry of Agriculture, Fisheries and Food. Royal Decree 558/2001, of May 25, which regulates the official recognition of organizations or associations of purebred dog breeders. «BOE» No. 142, June 14, 2001, pages 21156-21182. 640
641
11. Spanish Ministry of the Environment, Rural and Marine Affairs. Order Arm/573/2010, Of 4 March, Amending The Annex Of The Royal Decree 558/2001 Of 25 May, Which Regulates The Official Recognition Of Organizations Or Associations Of Breeders Of Purebred Dogs. «BOE» No. 62 of 12 March 2010, pp. 24841-24841. 642
643
644
12. Leroy, G.; Rognon, X.; Varlet, A.; Joffrin, C.; Verrier, E. Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data. *J. Anim. Breed. Genet.* **2006**, *123*, 1-9. 645
646
13. Vázquez Muñoz, P.A. Evaluación del impacto del Programa de Desarrollo Rural 2007-2013 (PDR) sobre el sector agrario de las Islas Baleares. Agronomic Engineering Master Degree Final Project, Universitat De Les Illes Balears, Mallorca, Spain, **2018**. 647
648
649
14. Adrover, A.; Grimalt, M.; Binimelis, S. Implicaciones territoriales, sociales y ambientales de las sociedades de cazadores locales en Mallorca. *Análisis espacial y representación geográfica: innovación y aplicación*. Universidad de Zaragoza: Zaragoza, Spain, 2015, 1543-1552. 650
651
652
15. Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural Decret 5/2007, de 2 de febrer, pel qual s'aprova el Catàleg d'agrupacions racials dels animals domèstics autòctons de les Illes Balears i es regulen les entitats dedicades a fomentar-los. BOIB núm. 020, de 8 de febrer de 2007, Mallorca, Spain. 653
654
655
16. Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural. Decree 8/2017, of February 17, which regulates the racial prototype of the ca de bou, BOCAIB of February 18, 2017, Mallorca, Spain. 656
657
17. Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural. Resolució del conseller d'Agricultura i Pesca, de 30 de novembre de 2002, estandar racial. **2002**. 658
659
18. Navas, F.J. II Jornada sobre el Ca de Conill de Menorca. 30 April to 1st May, 2022, MErcadal, Menorca, Spain, 2023. 660
19. Casanova, D.; Andere, C.; Rodríguez, E.; Bergonzelli, P. Argentine genetic evaluation. Results of bull performance. In *Performance Recording of Animals-State of the Art, 2004*; Wageningen Academic: Wageningen, Netherlands, 2005; pp. 185-194. 661
662
20. Scherf, B.D. *Lista mundial de vigilancia para la diversidad de los animales domésticos*; FAO: Rome, Italy, 1997. 663
21. Juárez, J.R.R. El registro de asociaciones como parte del contenido esencial del derecho de asociación. Phd Thesis, UNED. Universidad Nacional de Educación a Distancia, Spain, 2021. 664
665

Disclaimer/Publisher's Note: The statements, opinions and data contained in all publications are solely those of the individual author and contributor(s) and not of MDPI and/or the editor(s). MDPI and/or the editor(s) disclaim responsibility for any injury to people or property resulting from any ideas, methods, instructions or products referred to in the content. 666
667
668

Untangling Temporal Threads: Evaluating Correlations in Autochthonous Dog Breed Associations' Timelines in the Balearic Islands

Alanzor Puente, J.M.¹; Pons Barro, Á.L.¹; González Ariza, A.²; Marín Navas, C.³; Concepción Felipe, I.³; Delgado Bermejo, J.V.³ and Navas González, F.J.^{3,*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Conselleria d'Agricultura, Pesca i Alimentació, Majorca, Govern Illes Balears, 07009 Palma, Spain.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, Spain.

³ Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, 14071 Córdoba, Spain.

ADDITIONAL KEYWORDS

Protection Structures.
Breeders Association.
Studbook.
Balearic Islands.
Correlation Analysis.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Estructuras de Protección.
Asociación de Criadores.
Libro Genealógico.
Islas Baleares.
Análisis de Correlación.

INFORMATION

Cronología del artículo.
Recibido/Received: 20.09.2023
Aceptado/Accepted: 06.12.2023
On-line: 15.01.2024
Correspondencia a los autores/Contact e-mail:
fjnavas@uco.es

SUMMARY

This study investigates the temporal dynamics of autochthonous dog breed recognition in the Balearic Islands, revealing a complex interplay of relationships across various stages. The analysis, depicted through a heatmap and correlation matrix, highlights the significance of early breed recognition by showing strong negative correlations with subsequent stages, shaping the trajectory for standardized breed preservation. Associations evolve as central players, exhibiting positive correlations in their temporal dynamics and contributing significantly to the sustainability of the island ecosystem. Notably, the study identifies nuanced connections between the temporal sequence of association development and the subsequent achievements of autonomic and national official recognitions. The findings provide valuable insights into the intricate patterns governing breed preservation, offering a comprehensive roadmap for informed conservation strategies and contributing to broader efforts in biodiversity conservation and cultural heritage stewardship unique to the Balearic Islands.

Desenmarañando Hilos Temporales: Evaluando Correlaciones en las Líneas Temporales de Asociaciones de Razas Caninas Autóctonas en las Islas Baleares

RESUMEN

Este estudio investiga las dinámicas temporales del reconocimiento de razas autóctonas de perros en las Islas Baleares, revelando una compleja interacción de relaciones a lo largo de diversas etapas. El análisis, representado a través de un mapa de calor y una matriz de correlación, destaca la importancia del reconocimiento temprano de las razas al mostrar fuertes correlaciones negativas con etapas posteriores, dando forma a la trayectoria para la preservación estandarizada de las razas. Las asociaciones emergen como actores centrales, exhibiendo correlaciones positivas en sus dinámicas temporales y contribuyendo significativamente a la sostenibilidad del ecosistema isleño. Notablemente, el estudio identifica conexiones matizadas entre la secuencia temporal del desarrollo de las asociaciones y los logros subsiguientes de reconocimientos oficiales autonómicos y nacionales. Los hallazgos proporcionan perspectivas valiosas sobre los patrones intrincados que rigen la preservación de las razas, ofreciendo una guía integral para estrategias de conservación informadas y contribuyendo a esfuerzos más amplios en la conservación de la biodiversidad y la tutela del patrimonio cultural único de las Islas Baleares.

INTRODUCTION

The Balearic Islands, with their varied ecosystems and cultural heritage, serve as a unique backdrop for the examination of autochthonous dog breeds. Going beyond mere chronological analysis, this investigation aims to decode narratives that shape the past, illuminate the present, and guide the future of these canine populations. The archipelagic nature of the region introduces challenges, navigating a delicate balance between geographic isolation (Cervantes & Castañeda

2012) and the imperative for coordinated conservation efforts (Mujica et al. 2005).

The exploration commences with an examination of the time from the first registries to the recognition of the first standard—a period where breed identity takes root (Alfranca 2001). Progressing through time, the transition from Breed First Recognition to Association Foundation signifies the evolution from a passion for preservation (Valera Córdoba, Vázquez González & Fernández Martín 2007) to organized conserva-

tion efforts (Tibaduiza Castañeda et al. 2021). These milestones mark the dynamic evolution of canines and highlight the intricate interplay between human stewardship and the ecological dynamics of the islands.

In the broader spectrum of recognition, from local to international stages, autochthonous breeds undergo a transformative journey. Positive correlations identified in the study underscore that recognition timelines are interwoven narratives, emphasizing the significance of collective efforts and institutional support.

Within the context of the balearic islands' archipelagic challenges, the role of associations (Pérez de Muniain Ortigosa) becomes pivotal. These organizations evolve into not just guardians of breed standards (León Gaudó, Monteagudo Ibáñez & Tejedor Hernández) but contributors to sustainability within the island ecosystem (Sanz 2009). Associations act as bridges, connecting enthusiasts and experts in a collaborative symphony that addresses the challenges posed by the unique geography of the region.

The aim of the study is to offer more than a glimpse into the past, providing a comprehensive understanding of the present and charting a course for the future. Beyond statistical correlations, the study aspires to provide a roadmap for informed and effective conservation strategies. In untangling these threads, the objective is to preserve biodiversity and cultural heritage, ensuring the harmonious coexistence of autochthonous dog breeds within the intricate tapestry of the balearic islands.

MATERIAL AND METHODS

XLSTAT Version 2014.5.03 was used to calculate Pearson's Product Moment correlations among variables that collectively represent distinct temporal milestones in the comprehensive process of autochthonous dog breed recognition, spanning from the establishment of breed registries to the formal acknowledgment of standards, association foundation, and eventual national and international recognition, marking key evolutionary transitions in breed preservation.

RESULTS

PEARSON'S PRODUCT MOMENT CORRELATIONS

Figure 1 shows a heatmap reporting correlations across the moments in the timeline running from the moment in which first registries for dog populations are collected to the moment when the association achieves its recognition at a national and international level. As suggested by the scale, the more intense the red colour is the larger the positive correlations between element pairs is as well. On the contrary the more intense the blue colour is the larger the negative correlations across elements and features is as well.

TIME FROM FIRST REGISTRIES TO RECOGNITION OF FIRST STANDARD:

The correlation matrix in Table 1 reveals intriguing

relationships in the timeline of dog breed recognition. The time from first registries to the recognition of the first standard demonstrates strong negative correlations with subsequent stages, particularly with the time from the first standard to its official recognition.

TIME FROM BREED FIRST RECOGNITION TO ASSOCIATION FOUNDATION:

Examining the interplay between the breed's initial recognition and the establishment of an association, a significant negative correlation highlights potential connections between these pivotal phases in the breed recognition process.

TIME FROM FIRST STANDARD TO OFFICIAL RECOGNITION OF STANDARD:

Analysis of the temporal aspects within breed standards exposes noteworthy correlations. The time from the first standard to its official recognition shows strong negative associations with the time from the first registries to the recognition of the first standard, and substantial positive correlations with the time from the association foundation to national official recognition.

TIME FROM ASSOCIATION FOUNDATION TO AUTONOMIC OFFICIAL RECOGNITION OF THE ASSOCIATION:

Transitioning to the association phase, correlations emerge between the time from its foundation to both autonomic and national official recognitions. Notably, positive correlations suggest interdependencies between the association's foundational stage and subsequent recognitions.

TIME FROM ASSOCIATION FOUNDATION TO NATIONAL OFFICIAL RECOGNITION OF THE ASSOCIATION:

Further exploring the association's journey, correlations highlight the temporal dynamics in achieving national official recognition. Associations founded earlier appear to have moderately positive connections with both autonomic and national official recognitions.

TIME FROM AUTONOMIC OFFICIAL RECOGNITION TO STUDBOOK RECOGNITION:

Examining the progression from official recognition to studbook recognition, moderate positive correlations emerge, providing insights into the temporal relationships between autonomic official recognition and the subsequent step of studbook recognition.

TIME FROM NATIONAL OFFICIAL RECOGNITION TO STUDBOOK RECOGNITION:

Finally, in the transition from national official recognition to studbook recognition, strong negative correlations with the time from first registries to the recognition of the first standard, coupled with moderate positive correlations with the association foundation and autonomic official recognition, unveil intricate temporal patterns in this crucial phase.

DISCUSSION

The examination of temporal dynamics in the recognition and conservation of autochthonous dog breeds within the Balearic Islands provides a nuanced perspective on the intricate interplay between various stages. The temporal sequences, from the inception of breed registries (García 2017) to the attainment of national and international recognition (Dunner & Cañón 2014), offer profound insights into the evolving narrative of breed preservation.

The negative correlations observed between the time from the first registries (García 2017) to the recognition of the first standard (Beuk, Melero & Sastre 2013) and subsequent stages underscore the critical importance of early breed recognition (Driver 2012). This foundational phase appears to be a crucial determinant, setting the trajectory for the subsequent formalization of breed standards (Barbosa Mireles & López Islas). The negative correlation with the time from the first standard to its official recognition sug-

gests that swift acknowledgment of breed characteristics contributes to a streamlined standardize

As the timeline progresses from Breed First Recognition to Association Foundation, a significant negative correlation points towards an intrinsic connection between the initial recognition of a breed and the subsequent establishment of an association. This highlights a nuanced evolutionary transition, signifying a shift from individual passion for preservation to organized, collective efforts in the form of associations (Reza 2006). The positive correlations identified in this transition imply that the organizational structure of associations (Casanova et al. 2005) is closely intertwined with the early recognition of specific dog breeds.

The temporal dynamics within associations become evident as the study unfolds. Positive correlations between the time from association foundation to both autonomic and national official recognitions indicate a symbiotic relationship. Associations, founded earlier, not only pave the way for national recognition but also exhibit positive connections with autonomic recognition. This suggests that the temporal dimen-

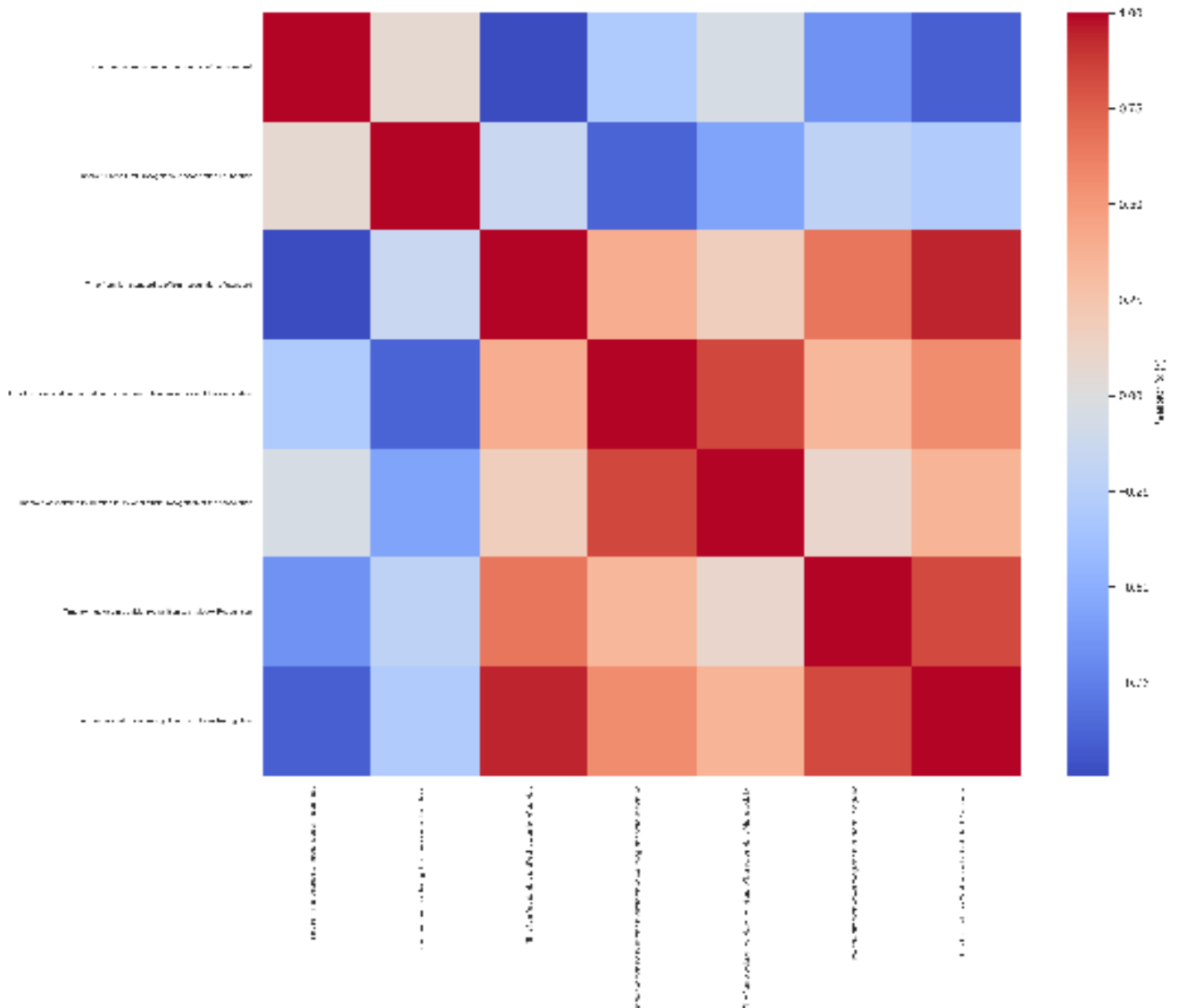


Figure 1. Pearson’s Product Moment correlations across breed and breed associations chronological milestones.

sion of association development plays a role in shaping the broader recognition journey.

Moving further along the timeline, the transition from Autonomic Official Recognition to Studbook Recognition (Rodero & Herrera 2000) reveals moderate positive correlations. This underscores the temporal relationships between achieving official recognition and progressing to the formalization of studbooks. The intricate nature of this phase suggests that the temporal alignment of these events may contribute to a more coherent and effective conservation trajectory.

The transition from National Official Recognition to Studbook Recognition (Rodero & Herrera 2000) introduces complexities marked by strong negative correlations with the time from first registries to the recognition of the first standard. Simultaneously, moderate positive correlations with association foundation and autonomic official recognition indicate a delicate balancing act. Navigating these challenges requires a harmonized approach, where early breed recognition aligns with association establishment, contributing to a smoother transition to national and international studbook recognition.

Understanding these intricate temporal dynamics offers a foundation for future conservation strategies. The comprehensive roadmap derived from statistical correlations becomes a crucial tool for informed decision-making. Beyond statistical analyses, the study's ambition to provide a roadmap for effective conservation strategies gains significance, particularly in the preservation of biodiversity and cultural heritage within the Balearic Islands.

CONCLUSIONS

This study explores the temporal dynamics of autochthonous dog breed recognition in the Balearic Islands, unveiling a narrative of interdependencies and transitions from early breed identification to national and international recognition. The foundational phase emphasizes the pivotal role of early breed recognition in shaping standardization, facilitating subsequent transitions, and laying the groundwork for organized conservation efforts. Associations emerge as key contributors, evolving from guardians of breed standards to integral players in the island ecosystem's sustainability. Positive correlations in association development underscore their crucial role in guiding breeds from local to international recognition, acting as vital bridges to address challenges posed by the archipelagic nature of the Balearic Islands. These findings offer profound insights into the multifaceted preservation of unique breeds and provide a valuable model for broader efforts in biodiversity conservation and cultural heritage stewardship within this distinct context.

ACKNOWLEDGMENTS

The authors express sincere gratitude to the Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí, and Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya for their invaluable support and collaboration in making public essential insights and data that were eventually used for this study. The commitment and dedication of these organizations to the preservation

and promotion of canine breeds in the Balearic Islands have significantly enriched the research, enabling their comprehensive understanding and permitting the evaluation of the genetic dynamics and evolutionary patterns of the breeds and breed groups present in the archipelago. Their expertise and contributions have been instrumental in advancing our knowledge of the breed populations, reflecting their deep commitment to the conservation and welfare of these unique canine breeds.

FUNDINGS

The present research was carried out during the covering period of a Ramón y Cajal Post-Doctoral Contract with the reference MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union "NextGenerationEU"/PRTR.

BIBLIOGRAPHY

- Alfranca, IS 2001, 'El concepto de raza: evolución y realidad', *Archivos de zootecnia*, vol. 50, no. 192, pp. 547-64.
- Barbosa Mireles, MA & López Islas, RJ 'Zootecnia de Perros y Gatos (2004)'.
- Beuk, S, Melero, S & Sastre, M 2013, 'El secreto del Pedigrí', *Universidad Autónoma de Barcelona. Recuperado*, vol. 1.
- Casanova, D, Andere, C, Rodríguez, E & Bergonzelli, P 2005, 'Argentine genetic evaluation. Results of bull performance', in *Performance Recording of Animals-State of the Art, 2004*, Wageningen Academic, pp. 185-94.
- Cervantes, FA & Castañeda, M 2012, 'Efecto genético del aislamiento geográfico de la liebre negra (*Lepus insularis*), endémica de Isla Espíritu Santo, Baja California Sur, México', *Therya*, vol. 3, no. 2, pp. 151-71.
- Driver, J 2012, 'Recognizing Race', *Colum. L. Rev.*, vol. 112, p. 404.
- Dunner, S & Cañón, J 2014, 'Origen y diversidad de la especie canina', *Canis et Felis*, vol. 130, pp. 18-26.
- García, JL 2017, *Los registros son el fundamento de una administración eficiente*.
- León Gaudó, E, Monteagudo Ibáñez, LV & Tejedor Hernández, M 'Reglamentos y recomendaciones de cría canina en diferentes razas: ejemplos nacionales e internacionales'.
- Mujica, F, Obreque, V, Hinrichsen, P & Cothran, G 2005, 'Recuperación, conservación y caracterización del caballo chilote', *Agro Sur*, vol. 33, no. 1, pp. 58-67.
- Pérez de Muniain Ortigosa, A 2004, 'Actualidad en la gestión de las razas autóctonas en Navarra', *Naturzale. Cuadernos de Ciencias Naturales*, no. 18, pp. 49-61.
- Reza, J 2006, *Nuevo diagnostico de necesidades de capacitacion y aperndizaje en las organizaciones*, Panorama Editorial.
- Rodero, E & Herrera, M 2000, 'El concepto de raza. Un enfoque epistemológico', *Archivos de zootecnia*, vol. 49, no. 186, pp. 5-16.
- Sanz, IG 2009, 'Plan De Desarrollo Del Programa Nacional De Conservación, Mejora Y Fomento De Las Razas Ganaderas', *Profesión veterinaria*, vol. 16, no. 72, pp. 24-33.
- Tibaduiza Castañeda, LP, Jiménez Sabogal, HR, Rugeles Barandica, LA, Cañar Serna, DY, González Almarío, C, Azcárate Rodríguez, S, Manrique Perdomo, C, Grajales Lombana, HA, Lucero Casanova, CE & Telo da Gama, L 2021, 'Recursos zoogenéticos: conservación, caracterización y gestión de su biodiversidad'.
- Valera Córdoba, MM, Vázquez González, I & Fernández Martín, J 2007, 'Programa de conservación ex situ', *La conservación de la diversidad de razas autóctonas de Andalucía. Patrimonio ganadero andaluz. Vol III*.

The Crucial Role of Breeder and Dog Owner Associations in Safeguarding Genetic Heritage of Endangered Balearic Dog Breeds: Gender Preference and Registry Adscription

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza², Carmen Marín Navas³, Juan Vicente Delgado Bermejo ³ and Francisco Javier Navas González ^{3,*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears, Conselleria d'Agricultura, Pesca i Alimentació, Majorca, Govern Illes Balears, 07009 Palma, Spain; jalanzor@irfap.es (J.M.A.P.); apons@irfap.es (Á.L.P.B.)

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, Córdoba (España).
angoarvet@outlook.es (A.G.A.)

³ Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, 14071 Córdoba, Spain; juanvi-agr218@gmail.com (J.V.D.B.); fjng87@hotmail.com; (F.J.N.G.)

* Correspondence: fjng87@hotmail.com; Tel.: +34-651-679-262

Simple Summary: This study unravels the intricate dance between indigenous dog breeds in the Balearic Isles and their human companions, focusing on breeders and owners. Using a tool called Canonical Correlation Analysis, the researchers explored various factors like breed registries and the number of breeders/owners, revealing interesting patterns. For example, when more female dogs were added to auxiliary registries, there was a drop in foundational registrations, indicating changes in how breeds are documented. A similar pattern emerged with definitive female registrations, hinting at a growing awareness of pedigrees over time. Beyond these records, the study shows that an increase in breeders significantly influences initial registrations, total definitive counts, and overall numbers, showcasing their pivotal role in the early stages of a breed. The study also touches on gender preferences in registrations, noting a historical preference for female entries during foundational stages that shifts towards males in definitive registrations. In essence, the research stresses the collaborative efforts of breeders, owners, and comprehensive registries in preserving the genetic diversity of Balearic dog breeds. The need for ongoing efforts to fill gaps in genealogical data is highlighted for a more accurate understanding of breed dynamics.

Abstract: This study delves into the complex relationships between indigenous dog breeds in the Balearic Isles and their human counterparts, specifically breeders and owners. Using Canonical Correlation Analysis, the research examines variables such as breed registries and the number of breeders/owners, uncovering significant correlations within registries. For example, an increase in female auxiliary registrations corresponds to a decline in foundational registrations, indicating shifts in breed documentation dynamics. Similarly, a rise in definitive female registrations coincides with a decrease in foundational female registrations, suggesting increased pedigree awareness across generations. Beyond registries, the study explores the correlation between breeders/owners and various initial records, highlighting that a notable increase in breeders positively influences initial registrations, definitive totals, and overall counts, underscoring their crucial role in early breed stages. Gender preferences in registrations are noted, with a historical bias towards female entries during foundational stages gradually shifting in favor of males in definitive registrations. In conclusion, the research underscores the interconnected roles of breeders, owners, and comprehensive registries in preserving genetic diversity among Balearic dog breeds, emphasizing the need for ongoing efforts to address gaps in genealogical data for a more accurate understanding of breed dynamics.

Keywords: Breeder Associations; Dog Owner Involvement; Genetic Heritage Preservation; Canonical Correlation Analysis; breed registries; pedigree awareness; gender preferences

Citation: To be added by editorial staff during production.

Academic Editor: Firstname Last-name

Received: date

Revised: date

Accepted: date

Published: date



Copyright: © 2024 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

1. Introduction

The intricate relationships between indigenous dog breeds in the Balearic Isles and their human counterparts, specifically breeders and owners, constitute a compelling subject of scientific inquiry. This study employs Canonical Correlation Analysis as a robust analytical tool to delve into nuanced factors such as breed registries and the numerical representation of breeders/owners. Through meticulous examination, the research unveils intriguing correlations within breed registries, providing insights into the evolving dynamics of breed documentation.

An essential finding emerges concerning the impact of female auxiliary registrations on foundational registrations, signaling a transformative shift in breed documentation practices. Additionally, the study underscores the significant role of breeders, emphasizing their influence on initial registrations, total definitive counts, and the overall trajectory of a breed in its early stages. Gender preferences in registrations are explored, revealing historical biases that evolve over time, reflecting broader societal changes.

The diversification of studbook registries into foundational, birth, auxiliary, and definitive categories holds paramount importance in the comprehensive documentation and preservation of dog breeds. The foundational registry captures the initial entries during a breed's inception, serving as the bedrock for genetic diversity. Birth registries mark the introduction of new generations, providing a dynamic snapshot of a breed's evolution. Auxiliary registries play a crucial role by accommodating animals with unknown genealogy, ensuring flexibility in incorporating diverse lineages. The definitive registry, on the other hand, signifies a meticulous confirmation of a dog's pedigree, offering a reliable repository of ancestral information. This stratification allows for a nuanced understanding of breed dynamics, genetic lineage, and historical shifts in preferences, aiding breeders, researchers, and enthusiasts alike. By recognizing the distinct roles of each registry type, studbooks contribute significantly to the preservation of genetic heritage and the sustainable management of dog breeds over time.

In the broader context of social sciences, this research extends its scope to emphasize the pivotal role of breeder associations [2]. These associations, serving as knowledge hubs and community forums, contribute not only to the understanding of genetic diversity but also to the broader socio-cultural landscape. The collaborative efforts of breeders within these associations shape cultural perspectives and societal attitudes towards indigenous dog breeds, presenting a multidimensional approach to breed preservation.

Importantly, this study delves into the broader significance of preserving endangered dog breeds [3]. Beyond the genetic diversity highlighted in the study, these breeds have played crucial roles in human societies since their domestication [4]. Many of these dogs have been integral to various human activities, such as hunting [5], shepherding [6], and companionship [7]. Recognizing the historical and functional roles of these breeds adds a layer of urgency to their conservation. Preserving these breeds is not just about safeguarding genetic diversity but also about ensuring the continuation of functions deeply intertwined with human history and culture.

The present paper contributes to the discourse on the conservation of endangered Balearic dog breeds, bridging genetic and social science perspectives. By highlighting the interconnectedness of breeders, owners, and the broader societal context, this research underscores the need for comprehensive efforts to address gaps in genealogical data. Ultimately, this study aims to enhance our understanding of the intricate dynamics shaping the preservation of both biological and cultural heritage in the context of endangered dog breeds, emphasizing their historical and functional significance in human societies.

2. Materials and Methods

2.1. Sample

The populations evaluated include Ca de Conills, Ca Eivissenc, Ca de Bou, Ca de Bestiar, Ca Rater Mallorquí, and Ca Mè Mallorquí, each associated with specific breeder organizations. Aspects such as the breeds' engagement in pet leisure activities, primary use (ranging from hunting/ratting to guarding/shepherding), and classification type (Breed Agroupation or Pure Breed) were evaluated. Numerical data is provided for various registry categories, including Foundational, Birth Auxiliary, Auxiliary, Definitive Birth, and Definitive registries, further segmented into females and males. Additionally, total counts of animals across genders and registries within the studbook, owners, and breeders associated with each breed, were considered providing a comprehensive foundation for a nuanced exploration of the intricate dynamics between indigenous dog breeds and their human companions in the Balearic Isles (Table 1).

2.2 Statistical Analysis

2.2.1. A priori assumptions.

Regularized Canonical correlation analysis (RCCA) assumes linearity, implying a linear relationship between the canonical variates and each set of variables. For RCCA to provide valid inferences, three key assumptions must be satisfied [8]. Firstly, like other multivariate test statistics, RCCA requires the variables to follow a multivariate normal distribution in the population, which is the multivariate counterpart of the bivariate normal distribution. Multivariate distributions may deviate from normality even if univariate or bivariate distributions are normal. It's important to note that with a large sample size ($n > 1000$), the Kolmogorov-Smirnov test becomes highly sensitive, and normality plots should be evaluated simultaneously. The Shapiro-Wilk test is recommended for assessing normality, especially for sample sizes exceeding 5000 [9]. In this study, normality was assessed using the Shapiro-Wilk test, revealing non-normal distribution for both the different records in the stud books as well as for the variables related to breeders and owners. Despite this, the D'Agostino-Pearson Test indicated that the data had been sampled from a normally distributed population ($P > 0.05$). It's worth mentioning that RCCA does not heavily rely on normality assumptions; instead, it emphasizes that the magnitude of coefficients in the correlation matrix should not be affected by large differences in variable distributions.

Secondly, homoscedasticity assumption needs to be checked [10]. Levene's test was employed for this purpose, and as homoscedasticity was not met ($P < 0.05$), permutation tests were chosen for inference on canonical correlations, following Winkler's recommendation [11].

Thirdly, a large sample size is required for canonical correlation analysis [10]. Some authors suggest a minimum of ten cases per variable, although this requirement may decrease as the sample size grows [12].

Multicollinearity and curvilinear relationships should also be considered. Multicollinearity, the phenomenon where one variable is almost a weighted average of others, and singularity, an exact relationship between variables, can impact RCCA results. Multicollinearity was assessed using the variance inflation factor (VIF), with a recommended maximum VIF of 5 [13]. In this study, the Multicollinearity statistics function of XLSTAT 2014 was used to compute VIF.

2.2.2. Regularized Generalized Canonical Correlation Analysis (RCCA)

RCCA was conducted using the Canonical Correlation Analysis function in XLSTAT 2014.5.03 and SPSS MANOVA syntax. This analysis involves the regularization of covariance matrices for between two sets of variables – a census per registry set comprising total, male and female censuses per breed across registries in the studbook (Foundational Registry, Birth Auxiliary Registry, Auxiliary Registry, Definitive Birth and Definitive

Registry) of each breed (**X**) and an official members set which comprises the number of members that act as owners and/or breeders on each particular case (**Y**) by adding a multiple of the identity matrix (Id): $Cov(X) + \lambda_1 Id$ and $Cov(Z) + \lambda_2 Id$. The regularization aims to reduce data dimensionality. Regularized Canonical Correlation Analysis was performed using the CCorA package in XLSTAT 2014.5.03. The CCorA package within XLSTAT facilitates the examination of linear associations between two sets of variables, offering insights into the underlying patterns and interdependencies. We estimated the Pearson product-moment correlation coefficient among variables from both sets using a bivariate procedure from the Correlate package of SPSS Statistics for Windows, Version 24.0, IBM Corp. [14] to avoid the severe multicollinearity or linear dependency between several variables, aiming at excluding those with multiple correlation coefficients higher than 0.80 according to Montgomery, et al. [15].

2.2.3. Validity.

To establish the validity of RCCA, Pillai's trace criterion was employed, which is a MANOVA test statistic ranging from 0 to 1. A higher Pillai's trace indicates a stronger statistically significant linear relationship between the two variable groups. In this study, Pillai's trace was highly significant ($P < 0.01$), confirming the validity of RCCA.

2.2.4. Variability Explanation.

Eigenvalues were calculated to determine the proportion of variance in canonical variates explained by canonical correlations. The largest eigenvalue corresponds to the first canonical correlation, and subsequent eigenvalues decrease in size. Canonical correlations, ranging from -1 to 1, were interpreted based on their magnitude. Canonical correlations ≥ 0.30 were considered meaningful, explaining about 10% of the variance.

Redundancy coefficients were used to assess how much variability in input variables was predicted by canonical variables. These coefficients indicate correlations between input variables and canonical variables, aiding in understanding their relationships.

Roots, representing the rank of eigenvalues, were used to test the null hypothesis that all correlations associated with roots were zero. Wilks' lambda was employed to test the linkage of canonical variables to correlation tables.

2.2.5. Canonical Correlation Analysis k-fold Cross-validation.

Ten-fold cross-validation was performed to evaluate the validity and reduce sample-specific error. In this procedure, the sample was randomly divided into k subsamples, and the model was trained and validated on different subsamples. Cross-validation coefficients matched Wilk's lambda values, confirming the validity of the analysis. Regularization parameters (λ_1 and λ_2) were selected via the *tune.rcc* function using a grid search, resulting in optimal values ($\lambda_1 = 0,001$ and $\lambda_2 = 0,750$). The choice of dimensions (d) was based on an empirical approach, considering a gap between the 1st and 2nd canonical correlations, leading to the inclusion of the first two dimensions in further analysis.

3. Results

Descriptive statistics for the two sets of variables – a census per registry set comprising total, male and female censuses per breed across registries in the studbook (Fundamental Registry, Birth Auxiliary Registry, Auxiliary Registry, Definitive Birth Registry and Definitive Registry) of each breed and an official members set which comprises the number of members that act as owners and/or breeders on each case were provided in Table 1. Multicollinearity analysis indicated no variable should be discarded due to redundancies ($VIF \geq 5$).

Table 1. Descriptive statistics for the census per registry set comprising total, male and female censuses per breed across registries in the studbook (Foundational Registry, Birth Registry, Auxiliary Registry, Risk Priority Number and Definitive Registry) of each breed and an official members set which comprises the number of members that act as owners and/or breeders on each particular case

Set	Gender	Variable	Minimum	Maximum	Mean	Std. deviation
Census per registry	Females	Fundational Registry	129,000	1114,000	463,000	401,998
		Birth Auxiliary Registry	23,000	23,000	23,000	0,000
		Auxiliary Registry	60,000	98,000	79,000	12,017
		Birth Definitive Registry	2,000	2,000	2,000	0,000
		Definitive Registry	19,000	162,000	90,500	45,221
	Males	Fundational Registry	96,000	1005,000	298,333	353,799
		Birth Auxiliary Registry	7,000	7,000	7,000	0,000
		Auxiliary Registry	5,000	93,000	49,000	27,828
		Birth Definitive Registry	0,000	0,000	0,000	0,000
		Definitive Registry	1,000	154,000	77,500	48,383
	Total	Fundational Registry	243,000	2119,000	850,400	679,306
		Birth Auxiliary Registry				
		Total	30,000	30,000	30,000	0,000
		Auxiliary Registry	65,000	316,000	190,667	79,373
Birth Definitive Registry		2,000	2,000	2,000	0,000	
Official members	Number	Owners	38,000	359,000	225,333	132,539
		Breeders	20,000	86,000	50,600	21,814

Pearson's product-moment correlations were computed (Supplementary Table S1), revealing linear relationships among the census per registry set and the official members set. In general, weak to moderate correlations were observed.

Pillai's trace criterion was highly significant ($P < 0.01$), indicating the validity of RCCA. The first canonical variate (F1) alone explained 50.00% of the variability in both datasets.

A canonical correlation of 1 indicative of a perfect correlation between the two sets of variables was found. This implies not only the fact that as number of owners and breeders increases the number of dogs across registries does too, but also that the same tone is followed, meaning each owner breeder may likely contribute to the registration of just one animal. Redundancy coefficients measure the proportion of variance in one set of variables that can be explained by the other set of variables. In this case, a redundancy coefficient of 0.637 for function 1 and 0.363 for function 2 indicates that 63.7% of the variance in function 1 can be explained by the other set of variables, while 36.3% of the variance in function 2 can be explained by the other set of variables 1.

In canonical correlation analysis, standardized canonical coefficients and loadings are used to measure the strength and direction of the relationship between the variables in each set. Standardized canonical coefficients indicate the extent to which each variable contributes to the latent variable. Standardized canonical loadings indicate the strength and directionality of the relationship between the measured variable and the latent variable. Standardized canonical loadings are reported in Figure 1, while standardized canonical coefficients are reported in Figure 2.

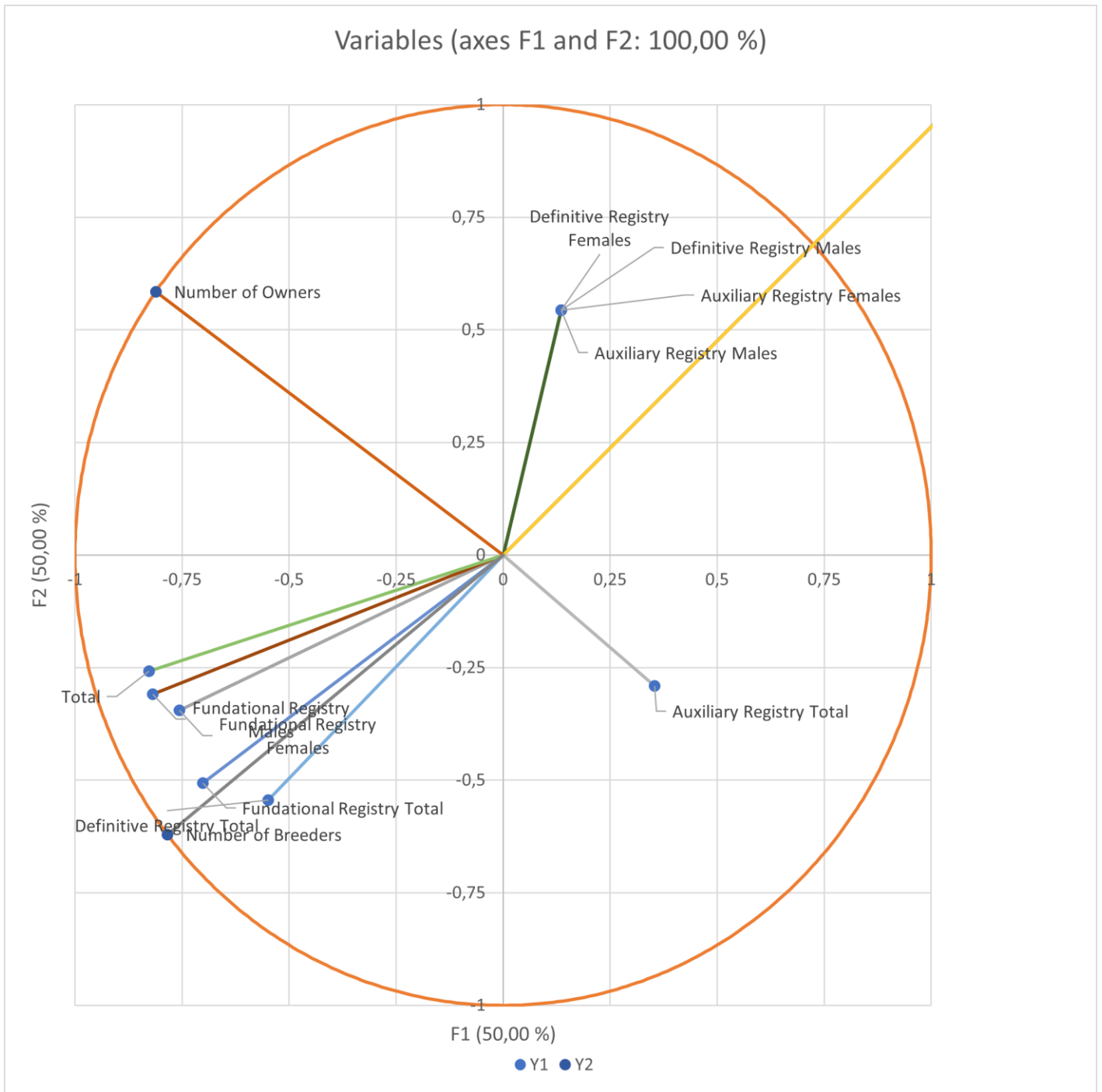


Figure 1. Standardized canonical loadings for the census per registry set and the official members set.

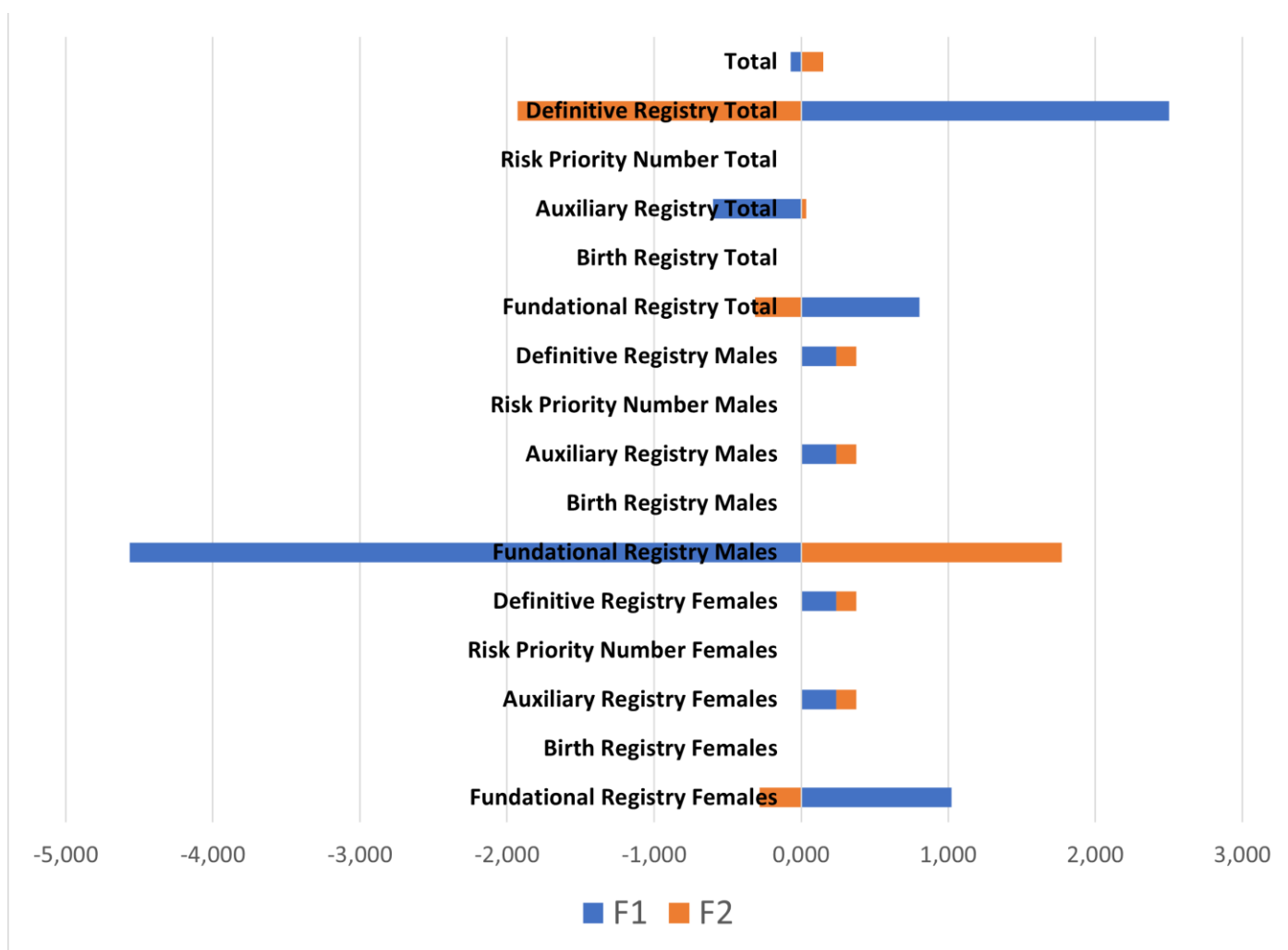


Figure 2. Standardized canonical coefficients for the census per registry set and the official members set.

Wilks' lambda and R2 results indicated the significance of all variates, and multi-variate generalization of R2 highlighted factors contributing to the explanatory potential of Census per registry and Official members data.

Ten-fold cross-validation confirmed the validity of RCCA. Optimal regularization parameters were selected, and the analysis included the first two dimensions, explaining 100.00% of the variance.

Figure 3 depicted the results of ten-fold cross-validation, with coefficients matching Wilk's lambda values. Optimal regularization parameters ($\lambda_1 = 0.001$ and $\lambda_2 = 0.750$) were selected through grid search (Figure 3).

The study concluded that the RCCA provided a valid analysis of the relationship between different studbook records and variables related to breeders and owners. The regularization process reduced dimensionality, and the first two dimensions explained a substantial portion of the variance.

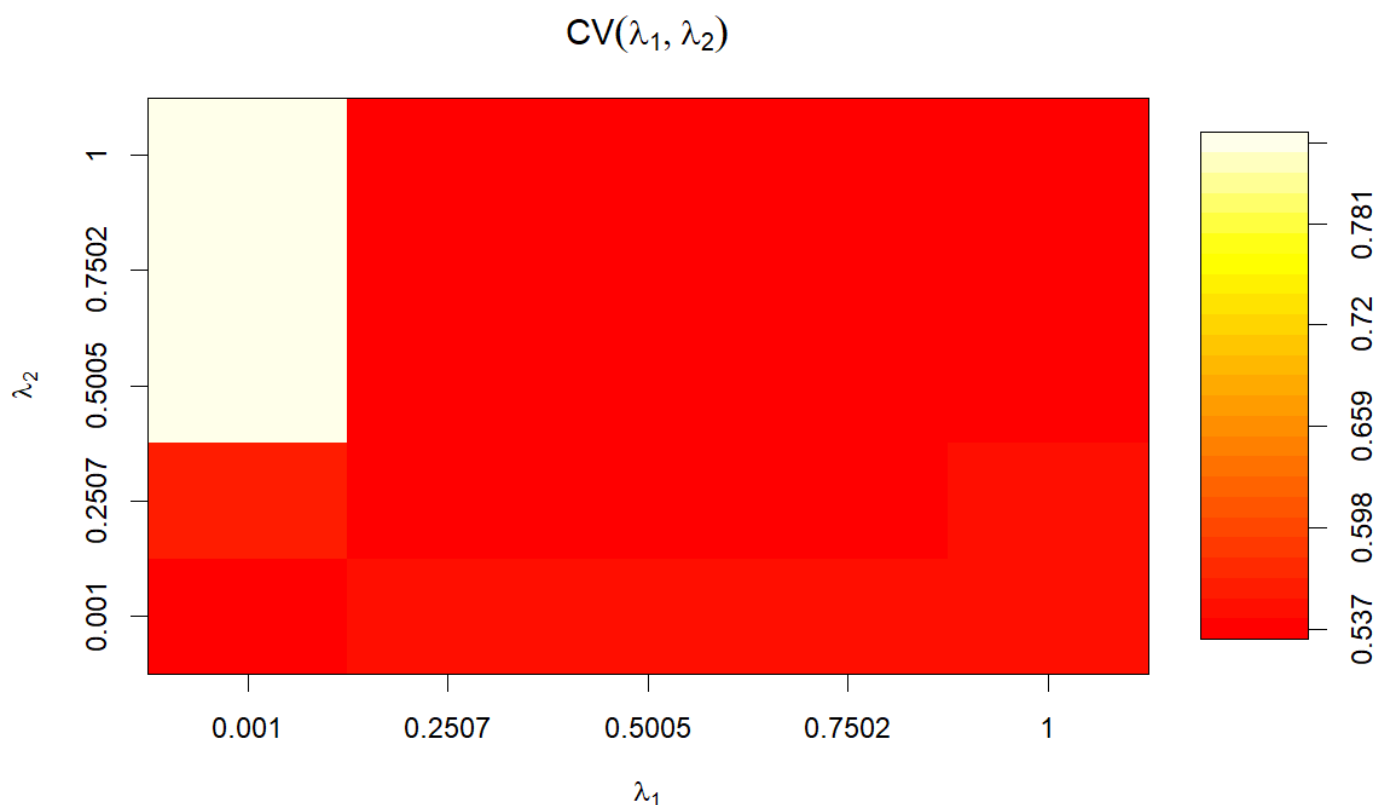


Figure 3. Optimal regularization parameters ($\lambda_1 = 0.001$ and $\lambda_2 = 0.750$) selected through grid search.

4. Discussion

The discussion of the correlations within the first variable group of records reveals significant patterns. An increase in the auxiliary registration of females corresponds to a twofold decrease in the foundational registration of females. This phenomenon is attributed to the closure of foundational registrations and the opening of auxiliary registrations, allowing the inclusion of animals in genealogical records without known pedigrees, particularly noticeable in male registrations. As registrations commence, there is a period during which foundational registrations remain open for both male and female specimens that have undergone breed confirmation. Subsequently, foundational registrations close, and the entries in this registry persist throughout the animal's lifetime [16]. Moreover, an increase in definitive registrations of females results in a twofold decrease in foundational registrations of females, correlating with a heightened awareness of pedigrees in subsequent generations. Historical disinterest in pedigrees, with scant details on paternity, shifted as interest in dog shows and accurate registration details grew, leading to the development of genealogical records with detailed ancestral information [17].

Additionally, a noteworthy correlation exists within the first variable: as the initial registration of females rises, the total definitive registration and overall animal count increase at a ratio of 1:0.533 and 1:0.957, respectively. This suggests the importance of a robust initial registration of females in building a substantial number of animals with detailed genealogical information. Jerold S. Bell's conference on [18] "Inbreeding, Consanguinity, and the Evolution of Breeds" in 2013 underscores that the genealogical record in a breed's early stages may include individuals of unknown ancestry or those conforming to the breed's conformational or working standards. These individuals serve as the foundational stock of the breed, and as the genealogical record continues, knowledge of pedigrees increases.

Moreover, the study observes an intriguing correlation during the period when foundational registrations were open, indicating a preference for females. Conversely, Diverio, Boccini et al. [19] reveal in their article that most Italian men prefer intact male dogs. As the auxiliary registration of females increases, a proportional rise occurs in the definitive registration of females, as well as in auxiliary and definitive registrations of males. This suggests that higher female registrations, regardless of the category, lead to registrations with more extensive pedigree knowledge, particularly in definitive registrations. The study findings align with Alanzor Puente, Pons Barro et al.'s [20] observations, noting that, due to generational intervals, male dogs with guarding functionality are preferred over females.

Shifting focus to the second variable of owners and breeders, a weak correlation is evident. As breeders and owners increase, all initial registrations, the total definitive registration, and the overall animal count rise, with breeders exhibiting nearly double the impact compared to owners. This discrepancy may be explained by the active involvement of breeders in the early stages of breeding programs when foundational registrations are open. Here, breeders, predominantly forming breed associations, play a prominent role in genealogical record-keeping, being the first to register their specimens. The proportion of male and female registrations slightly favours males for both owners and breeders, with a doubling in favour of breeders. A decrease in breeders leads to a half increase in all auxiliary and definitive registrations, a trend not observed with owners. This variation could be attributed to differences in interest regarding genealogical knowledge between breeders and owners.

Analyzing the correlation between the first and second functions reveals a balanced proportion of 1:1. Consequently, an increase in the number of breeders and owners results in a proportional rise in the number of animals across different registries. The analysis underscores that each function or variable explains 50% of the variability among functions, different genealogical record categories, and owners-breeders dynamics.

In the broad context of previous studies, these findings enrich our understanding of the dynamics within genealogical records and the roles of breeders, owners, and different registration types. The observed correlations align with historical shifts in the interest and practices surrounding genealogical records. The closure of foundational registrations and the subsequent rise in auxiliary registrations illuminate the evolutionary nature of record-keeping practices, reflecting changes in breeding strategies and the increasing importance placed on documented pedigrees.

The significant correlation between the increase in definitive registrations of females and the decline in foundational registrations suggests an evolving emphasis on pedigree knowledge over generations. This mirrors broader trends in dog breeding communities, where a growing appreciation for accurate pedigree information coincides with the rise of dog shows and heightened interest in breed standards. The study's findings contribute valuable insights into the transformation of attitudes towards genealogical documentation.

Furthermore, the proportional relationship between the initial registration of females and the subsequent surge in total definitive registrations and overall animal counts underscores the enduring impact of foundational records. This emphasizes the enduring legacy of well-documented initial registrations, indicating that a robust start in record-keeping can lead to a wealth of detailed genealogical information over time. Such insights, derived from the correlation analysis, carry implications for breed conservation and management strategies, emphasizing the importance of meticulous initial registrations.

The observed preferences for female registrations during the foundational registration period align with historical practices, providing a nuanced understanding of gender preferences among breeders and owners. The proportional increase in definitive registrations, both for females and males, as the auxiliary registration of females rises, hints at a collective effort to enhance genealogical knowledge. This finding suggests that regardless

of gender preferences during initial registrations, the focus shifts towards comprehensive pedigree information in subsequent registration stages.

Turning to the second variable, the correlation between breeders and owners and their impact on registrations provides valuable insights into the early stages of breeding programs. The dominance of breeders in influencing initial registrations highlights their pivotal role in shaping genealogical records. The observed gender preferences among breeders and owners further contribute to our understanding of the intricate dynamics within breeding communities.

These findings offer a nuanced perspective on the evolution of genealogical record-keeping practices and the roles of breeders and owners in shaping these records. The implications extend to broader discussions on breed conservation, breeding program management, and the evolving attitudes towards genealogical documentation. Future research directions may explore the specific factors influencing the observed correlations, delve deeper into the motivations of breeders and owners, and investigate the broader societal trends impacting genealogical practices in dog breeding. The intricate interplay between historical practices and contemporary shifts in attitudes towards genealogical records remains a rich area for further exploration.

5. Conclusions

In summary, the study underscores the connection between records of Balearic dog breeds and their owners, whether breeders or owners. It highlights the crucial role of these records in maintaining a well-functioning pedigree book and understanding the lineage of registered specimens. The establishment of a strong foundation in pedigree books necessitates comprehensive initial records, ideally supported by breed assignment techniques, adhering to breed standards. As the foundational record is closed and pedigree book regulations are met, final records increase while initial ones decrease. Females in initial records are emphasized for their significant role in expanding the breed and ensuring a greater number of individuals for future generations, particularly important for endangered breeds. The study emphasizes the essential contributions of breeders and owners in conserving genetic resources, with breeders having a more prominent role in foundational records. There is a noted shift in gender ratios from more females in initial records to a slight trend favoring males in the final records, a choice influenced by both breeders and owners. The study identifies a gap regarding unreported losses of specimens in genealogical records, urging future research to address this issue for the association to maintain reliable and updated censuses.

Supplementary Materials: The following supporting information can be downloaded at: www.mdpi.com/xxx/s1, Table S1: Pearson's product-moment correlations matrix between two sets of variables – a census per registry set comprising total, male and female censuses per breed across registries in the studbook (Foundational Registry, Birth Auxiliary Registry, Auxiliary Registry, Birth Definitive Registry and Definitive Registry) of each breed (BLUE) and an official members set which comprises the number of members that act as owners and/or breeders on each particular case (PURPLE). Pearson's product-moment correlations value is assigned a colour code from red (lower values) to green (Higher values).

Author Contributions: Conceptualization, José Manuel Alanzor Puente and Francisco Javier Navas González; Data curation, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza and Carmen Marín Navas; Formal analysis, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas and Francisco Javier Navas González; Funding acquisition, Águeda Laura Pons Barro and Juan Vicente Delgado Bermejo; Investigation, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas and Francisco Javier Navas González; Methodology, José Manuel Alanzor Puente and Francisco Javier Navas González; Project administration, Águeda Laura Pons Barro and Juan Vicente Delgado Bermejo; Resources, Águeda Laura Pons Barro and Juan Vicente Delgado Bermejo; Software, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas and Francisco Javier Navas González; Supervision, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Validation, Águeda Laura

Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Visualization, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Writing – original draft, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza and Francisco Javier Navas González; Writing – review & editing, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Carmen Marín Navas, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. All authors read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: The present research was carried out during the covering period of a Ramón y Cajal Post-Doctoral Contract with the reference MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union “NextGenerationEU”/PRTR.

Institutional Review Board Statement: Not applicable.

Informed Consent Statement: Not applicable.

Data Availability Statement: Data will be made available from corresponding author upon reasonable request.

Acknowledgments: The authors express sincere gratitude to the Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí, and Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya for their invaluable support and collaboration in making public essential insights and data that were eventually used for this study. The commitment and dedication of these organizations to the preservation and promotion of canine breeds in the Balearic Islands have significantly enriched the research, enabling their comprehensive understanding and permitting the evaluation of the genetic dynamics and evolutionary patterns of the breeds and breed groups present in the archipelago. Their expertise and contributions have been instrumental in advancing our knowledge of the breed populations, reflecting their deep commitment to the conservation and welfare of these unique canine breeds.

Conflicts of Interest: The authors declare no conflict of interest.

6. References

1. Institut De Recerca I Formació Agroalimentària I Pesquera De Les Illes Balears. <http://racesautoctonesib.com> Available online: (accessed on 15/12(2023)).
2. Pérez de Muniain Ortigosa, A. Actualidad en la gestión de las razas autóctonas en Navarra. *Naturzale* **2004**, 49-61.
3. Korta Sukia, G.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M.T. Caracterización y situación actual del Perro Pastor Vasco. Final Degree Project, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain.
4. Francis, R.C. *En manos humanas: El papel de la domesticación en la evolución de las especies*; RBA Libros: Barcelona, Spain, 2019.
5. Sánchez Garrido, R. Actividad humana y naturaleza. La práctica cinegética y los usos del medio natural. El caso del parque natural de la Sierra del Carrascal de la Font Roja. University Of Murcia, Department Of Philosophy, Area Of Social Anthropology: Murcia, Spain, 2009.
6. Crabtree, P.J. A Note on the Role of Dogs in Anglo - Saxon Society: Evidence from East Anglia. *Int. J. Osteoarchaeol.* **2015**, *25*, 976-980.
7. Hart, L.A.; Yamamoto, M.; Serpell, J. Chapter 13. Dogs as helping partners and companions for humans. *The Domestic Dog*. Serpell, J. (Eds.) Cambridge University Press: Cambridge, UK, 2017, 247-270.
8. Thompson, C.D. *A complexity theory for VLSI*; Carnegie Mellon University: Pittsburgh, Pennsylvania, USA, 1980.
9. Razali, N.M.; Wah, Y.B. Power comparisons of shapiro-wilk, kolmogorov-smirnov, lilliefors and anderson-darling tests. *J. Stat. Model. Anal.* **2011**, *2*, 21-33.
10. Garson, G.D. *Testing statistical assumptions*. G. David Garson and Statistical Associates Publishing: North Carolina State University: Raleigh, North Carolina, USA, 2012.
11. Winkler, A.M.; Renaud, O.; Smith, S.M.; Nichols, T.E. Permutation inference for canonical correlation analysis. *Neuroimage* **2020**, *220*, 117065.
12. Tabachnick, B.G.; Fidell, L.S.; Ullman, J.B. *Using multivariate statistics*; Pearson Boston,: MAAssachusstes, USA, 2013.

13. Navas, C.M.; Bermejo, J.V.D.; McLean, A.K.; Jurado, J.M.L.; González, F.J.N. Discriminant canonical analysis of the contribution of Spanish and Arabian purebred horses to the genetic diversity and population structure of Hispano-Arabian horses. *Animals* **2021**, *11*. 427-429
14. IBM Corp. Released 2017. IBM SPSS Statistics for Windows, Version 25.0. IBM Corp.: Armonk, NY. 430
15. Montgomery, D.C.; Peck, E.A.; Vining, G.G. *Introduction to linear regression analysis*; John Wiley & Sons: Hoboken, NJ, USA, 2021. 431-432
16. Order AYG/1169/2018, of 16 October, approving the specific regulations of the Stud Book of the Leonese Shepherd Dog dog breed. BOCYL of 5 November 2018. Castilla y León, Spain. 433-434
17. Kennel Club. Kennel Clubs and Stud Books. Available online: <https://janedogs.com/kennel-clubs-and-stud-books/#the-first-english-stud-book> (accessed on 15/12/2023) 435-436
18. Jerold, S. and Bell, D. Inbreeding, Outbreeding, and Breed Evolution. Proceedings of the 6th Tufts' Canine & Feline Breeding & Genetics Conference, 27-29 September, Boston, Massachusetts, 2015. 437-438
19. Diverio, S.; Boccini, B.; Menchetti, L.; Bennett, P.C. The Italian perception of the ideal companion dog. *J. Vet. Behav.: Clin. Appl. Res.* **2016**, *12*, 27-35. 439-440
20. Alanzor Puente, J.M.; Pons Barro, Á.L.; de la Haba Giraldo, M.R.; Delgado Bermejo, J.V.; Navas González, F.J. Does functionality condition the population structure and genetic diversity of endangered dog breeds under island territorial isolation? *Animals* **2020**, *10*, 1893. 441-443

Disclaimer/Publisher's Note: The statements, opinions and data contained in all publications are solely those of the individual author(s) and contributor(s) and not of MDPI and/or the editor(s). MDPI and/or the editor(s) disclaim responsibility for any injury to people or property resulting from any ideas, methods, instructions or products referred to in the content. 444-446

An In-Depth Analysis of Interconnections Amongst Studbook Registries in Balearic Islands Dog Breeds

Alanzor Puente, J.M.¹; Pons Barro, Á.L.¹; González Ariza, A.²; Marín Navas, C.³; Concepción Felipe, I.³; Delgado Bermejo, J.V.³ and Navas González, F.J.^{3,*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Conselleria d'Agricultura, Pesca i Alimentació, Majorca, Govern Illes Balears, 07009 Palma, Spain.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, Spain.

³ Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, 14071 Córdoba, Spain.

ADDITIONAL KEYWORDS

Genetic Intersection.
Canine Diversity.
Studbook Registries.
Balearic Islands.
Correlation Analysis.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Intersección genética.
Diversidad canina.
Registros del Libro Genealógico.
Islas Baleares.
Análisis de correlación.

INFORMATION

Cronología del artículo.
Recibido/Received: 20.05.2023
Aceptado/Accepted: 06.09.2023
On-line: 15.10.2023
Correspondencia a los autores/Contact e-mail:
fjnavas@uco.es

SUMMARY

This study seeks to evaluate the relationships within the studbook registries of endangered autochthonous canine breeds in the Balearic Islands. Employing Pearson's Product Moment Correlations and operating within the legal framework of Royal Decree 558/2001 aligned with EU standards for recognizing purebred dog breeders in Spain, patterns within the studbook were unveiled. Notably, the female Foundational Registry census displayed robust positive correlations, highlighting the significance of a solid foundational basis, particularly in females, for effective breed consolidation. Conversely, negative correlations with auxiliary registries suggest a diminished role when the foundational basis is strong. The analysis further reveals robust intra-gender relationships and strong correlations with total censuses, indicating systematic registration approaches. Surprisingly, females in the Birth Auxiliary Registry lack correlations, suggesting potential independence and underscoring the pivotal role of female censuses in breed consolidation. In conclusion, this correlation analysis offers valuable insights into studbook dynamics, emphasizing the importance of a robust foundational basis, especially concerning female censuses, in the successful evolution of endangered dog populations into standardized breeds. These findings provide guidance for studbook management and warrant additional exploration into specific registry categories, with a cautionary note that while correlation identifies associations, discerning causation necessitates nuanced interpretation and domain-specific knowledge.

Análisis Detallado de las Interconexiones entre los Registros Genealógicos de las Razas Caninas en las Islas Baleares

RESUMEN

Este estudio busca evaluar las relaciones dentro de los registros genealógicos de razas caninas autóctonas en peligro de extinción en las Islas Baleares. Utilizando las Correlaciones del Momento del Producto de Pearson y operando dentro del marco legal del Real Decreto 558/2001 alineado con los estándares de la UE para el reconocimiento de criadores de perros de raza pura en España, se revelaron patrones dentro del registro genealógico. Notablemente, el censo de la Fundación de hembras mostró correlaciones positivas sólidas, resaltando la importancia de una base fundacional sólida, especialmente en las hembras, para una consolidación efectiva de la raza. Por otro lado, las correlaciones negativas con registros auxiliares sugieren un papel disminuido cuando la base fundacional es fuerte. El análisis también revela relaciones robustas dentro de los géneros y fuertes correlaciones con censos totales, indicando enfoques sistemáticos de registro. Sorprendentemente, las hembras en el Registro Auxiliar de Nacimientos carecen de correlaciones, sugiriendo una independencia potencial y subrayando el papel crucial de los censos de hembras en la consolidación de la raza. En conclusión, este análisis de correlación ofrece información valiosa sobre la dinámica del registro genealógico, enfatizando la importancia de una base fundacional sólida, especialmente en relación con los censos de hembras, para la exitosa evolución de las poblaciones caninas en peligro hacia razas estandarizadas. Estos hallazgos proporcionan orientación para la gestión de registros genealógicos y justifican una exploración adicional en categorías de registros específicas, con la advertencia de que, si bien la correlación identifica asociaciones, discernir la causalidad requiere una interpretación matizada y conocimientos específicos del dominio.

INTRODUCTION

In Nestled within the Balearic Islands, a captivating saga of canine genetic diversity unfolds against a backdrop of sun-soaked landscapes and cultural intricacies. These islands, scattered across the azure Mediterranean, serve as custodians to a plethora of dog breeds, each weaving its own unique narrative

shaped by historical influences and environmental adaptations. As stewards of these invaluable genetic lineages, our exploration delves beyond the surface of mere registry numbers, aiming to decipher the intricate genetic landscapes that define and distinguish these cherished breeds.

In the realm of canine conservation, our attention is keenly focused on endangered breeds, where the

delicate equilibrium between genetic diversity and functional traits is paramount for survival. Preservation efforts extend beyond the quantitative realm of registry numbers, demanding a nuanced understanding of the functional attributes that imbue these breeds with unique qualities, honed over generations (Verde et al. 2009) to serve specific purposes. In the Balearic Islands, as elsewhere, the essence of endangered breeds resides not solely in their genetic representation but in the preservation of distinctive traits that have withstood the test of time.

The Royal Decree 558/2001 (Alimentación 2001), enacted on May 25, regulates the official recognition of organizations or associations of purebred dog breeders in Spain. It is rooted in the need to harmonize criteria for breeds included in the European Community Treaty, particularly those lacking specific regulations. The directive aligns with EU standards, ensuring the preservation, improvement, and promotion of diverse canine breeds.

Our analytical journey pivots on the profound significance of correlations, a scientific tool illuminating the complex relationships interwoven within the intricate fabric of studbook registries. By meticulously examining the correlation matrix, we aim to decipher the relationships between registry numbers, offering insights into the dynamic interplay of breeding practices, the selective pressures influencing genetic diversity, and the overall genomic health of dog breeds in the Balearic Islands.

Moreover, the Balearic Islands emerge as a pivotal host to approximately 60 percent of the Spanish studbook registries (Navas 2022), underscoring their role as a crucible of genetic diversity within the broader landscape of Spain. This concentration not only accentuates the prominence of these islands but also positions them as a focal point for comprehending the nuanced dynamics of breed development and preservation.

Our analysis seeks to unravel the genetic interconnections within these registries, shedding light on the intricate relationships that have flourished amidst the unique socio-cultural and environmental tapestry of the Balearic Islands. As we embark on this scientific journey, our aim is to reveal the threads that bind the past, present, and future of these canine lineages, contributing to the broader discourse on genetic conservation and breed management.

MATERIAL AND METHODS

The present paper bases upon the information derived from practical examples of officially recognised breeds and those in terms of recognition.

COMPENDIUM: ROYAL DECREE 558/2001

OBJECTIVE AND BACKGROUND:

The Royal Decree 558/2001, enacted on May 25, regulates the official recognition of organizations or associations of purebred dog breeders in Spain. It is

rooted in the need to harmonize criteria for breeds included in the European Community Treaty, particularly those lacking specific regulations. The directive aligns with EU standards, ensuring the preservation, improvement, and promotion of diverse canine breeds.

COMPETENCE AND RECOGNITION:

National Recognition: The Ministry of Agriculture, Fisheries, and Food oversees national recognition, requiring organizations to have at least 35% of the national census, distributed in ten Autonomous Communities.

Regional Recognition: Autonomous Communities handle recognition if organizations are not nationally scoped. For Spanish breeds, recognition considers technical, socio-cultural, and historical aspects, with the origin determining the competent authority.

REQUIREMENTS FOR RECOGNITION:

ORGANIZATIONS MUST:

POSSESS LEGAL PERSONALITY

Maintain adequate infrastructure, including scientific guidance, documentation processes, kinship control, and economic funds.

Demonstrate capacity for genealogical controls, breed improvement, and breeding suitability.

Operate on a non-profit basis, combat aggressive behaviors, and contribute to breed conservation.

REGISTRATION CRITERIA:

Dogs must have registered ancestors in recognized genealogical books.

Dogs initially registered in Spain cannot be re-registered elsewhere without proof of removal.

Genealogical books consist of main and annex sections, with specific criteria for registration in each.

GENERAL REGISTER AND DUTIES:

A General Register is established at the Ministry, including recognized organizations. Autonomous Communities provide updates annually.

Genealogical books include main and annex sections, with a merits register for exceptional qualities.

Organizations must provide information upon request and manage aptitude test registries.

AMENDMENTS (DECEMBER 23, 2005):

Recognition shifts to the Autonomous Community of the organization's headquarters.

The General Registry becomes public and informative.

Adherence to racial prototypes for Spanish breeds.

Organizations must provide information to autonomous communities.

ANNEX REPLACEMENT FOR "SPANISH DOG BREEDS."

Recognition documentation transfer for existing organizations.

Resolution of ongoing procedures as per the prior regulations.

Validity of racial prototypes until Autonomous Communities regulate them.

DIFFERENT KINDS OF REGISTRIES:

MAIN SECTION

For purebred dogs with registered ancestors, identified following specific requirements, and meeting breed standards.

ANNEX SECTION

For dogs lacking complete genealogical documentation but contributing to breed improvement based on ethnic characteristics.

MERITS REGISTER

Includes animals from the main section that have passed aptitude tests, demonstrating exceptional qualities.

APTITUDE TEST

Authorized organizations may manage registries of dogs participating in aptitude tests, incorporating relevant data into genealogical records.

Endangered Breeds: The competent authority will devise recovery plans for endangered Spanish canine breeds.

PEARSON'S PRODUCT MOMENT CORRELA-

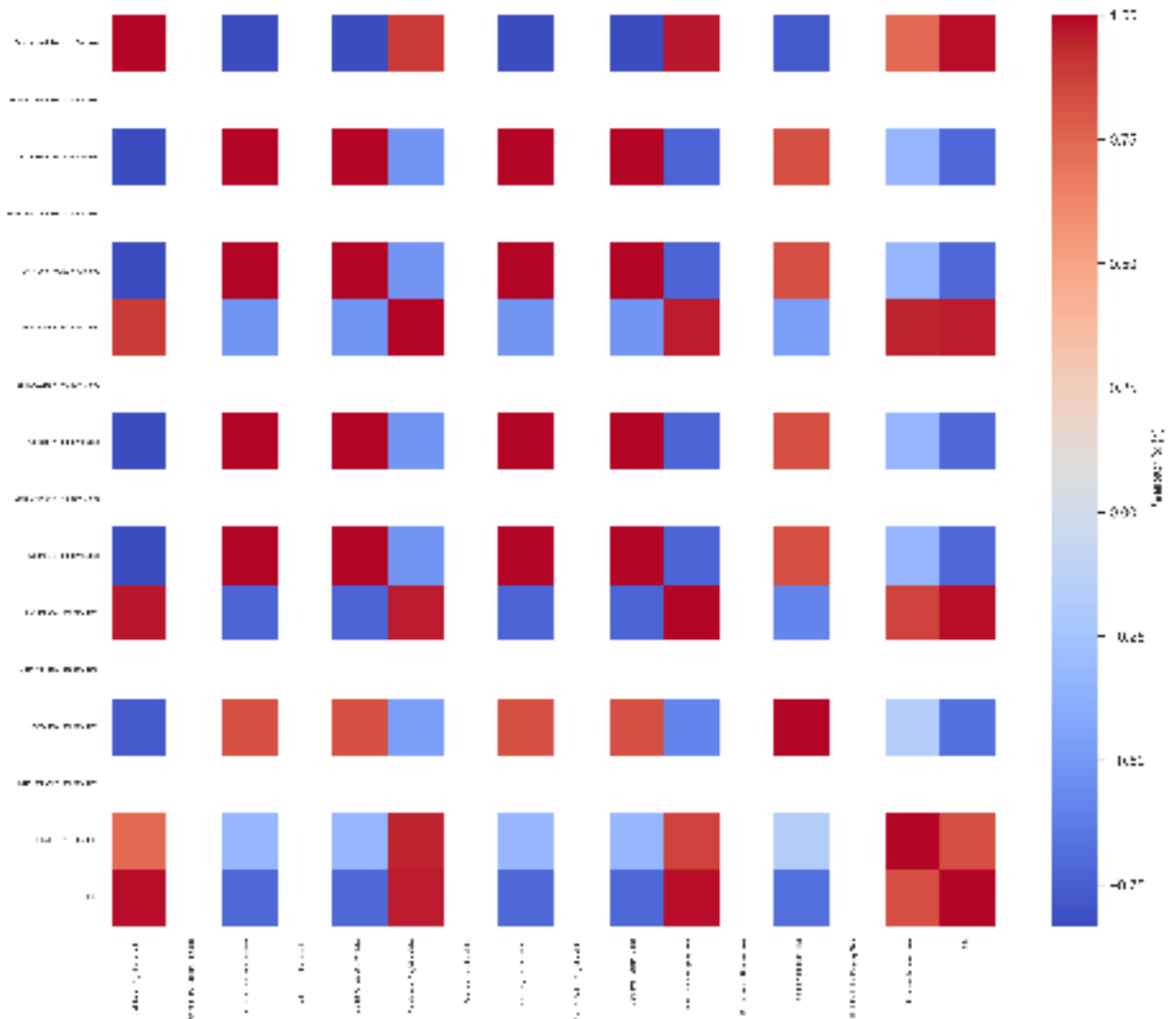


Figure 1. Pearson's Product Moment correlations across Registries in the stdubook of Balearic Dog Breeds.

TIONS

XLSTAT Version 2014.5.03 was used to calculate Pearson's Product Moment correlations among the censuses of the different registries (Foundational, Definitve, Birth and Auxiliary. comprising a studbook separated for sex, to determine the existing relationship among them.

RESULTS

PEARSON'S PRODUCT MOMENT CORRELATIONS

Figure 1 shows a heatmap reporting correlations across registries and genders in the studbook. As suggested by the scale, the more intense the red colour is the larger positive correlations between element pairs is as well. On the contrary the more intense the blue colour is the larger the blue correlations across elements and features is as well.

INTERPRETATION OF VALUES:

POSITIVE CORRELATION

Values close to 1 in the correlation table indicate a strong positive correlation. This implies that as one variable increases, the other variable tends to increase as well. In the context of this data, for instance, a high positive correlation between Foundational Registry Females and Foundational Registry Males (0.781) suggests that as the number of females in the Foundational Registry increases, there is a corresponding increase in the number of males in the Foundational Registry.

NEGATIVE CORRELATION:

Values close to -1 signify a strong negative correlation. This indicates that as one variable increases, the other variable tends to decrease. An example in the table is the negative correlation between Foundational Registry Females and Birth Auxiliary Registry Females (-0.500). This suggests that as the number of females in the Foundational Registry increases, there is a decrease in the number of females in the Birth Auxiliary Registry.

ZERO CORRELATION:

A correlation of 0 implies no linear relationship between variables. For instance, Birth Auxiliary Registry Females has zero correlation with all other variables in the table. This suggests that the number of females in the Birth Auxiliary Registry does not have a linear relationship with the numbers in other registry categories.

KEY OBSERVATIONS:

FUNDATIONAL REGISTRY FEMALE:

Positive correlations with Foundational Registry Males, Total, and Birth Auxiliary Registry Total indicate that when the number of females in the Foundational Registry increases, there is a tendency for the

numbers in these other categories to increase as well.

Negative correlations with Birth Auxiliary Registry Females and Birth Definitive Registry Females imply an inverse relationship, suggesting that as the number of females in the Birth Auxiliary Registry and Birth Definitive Registry increases, there is a decrease in the number of females in the Foundational Registry.

AUXILIARY REGISTRY FEMALE:

Positive correlations with Auxiliary Registry Males and Total suggest a consistent trend between the numbers of females and males or the overall total in the Auxiliary Registry category.

Negative correlations with Foundational Registry Females and Definitive Registry Females suggest an inverse relationship with these categories.

BIRTH AUXILIARY REGISTRY TOTAL:

A strong positive correlation with Foundational Registry Total and Birth Definitive Registry Total indicates a simultaneous increase in numbers in these categories.

DEFINITIVE REGISTRY MALE:

Positive correlations with Foundational Registry Males, Total, and Definitive Registry Females suggest a tendency for these variables to increase together.

Negative correlations with Birth Auxiliary Registry Males and Auxiliary Registry Males indicate an inverse relationship.

INSIGHTS:

INTRA-GENDER RELATIONSHIPS:

The strong correlations within genders (both for females and males) suggest a consistent pattern in registration between different registry types for each gender. This could be indicative of a systematic approach to registration within each gender category.

TOTAL REGISTRY RELATIONSHIPS:

The strong positive correlations of the "Total" category with various subcategories suggest an overall alignment or coherence in the registration patterns across different types of registries.

BIRTH AUXILIARY REGISTRY FEMALE:

The lack of correlation with any other category indicates potential independence or a lack of a linear relationship between the number of females in the Birth Auxiliary Registry and other registry types. Further investigation into the nature of this registry might provide valuable insights.

DISCUSSION

This study delves into the intricacies of studbook dynamics, utilizing Pearson's Product Moment Cor-

relations (Puth, Neuhäuser & Ruxton 2014) to elucidate relationships among different registries and sexes in endangered dog breeds from the Balearic Islands. Figure 1 acts as a visual guide, employing a heatmap (Filzmoser et al. 2018) to showcase the strength of correlations—red hues indicating positive correlations, while blue hues reveal negative correlations. Foundational Registries (MURCIANO) censuses, either for males or females, are decisive in the consolidation of total censuses of breeds. This denotes the fact that the strongest the bases of a dog population, the more solid is the possibility of consolidation of this population as a breed.

Values nearing 1 denote a robust positive correlation (Quintero-Rincon, D’Giano & Risk 2020), suggesting that as one variable increases, the other tends to follow suit. As aforementioned, the substantial positive correlation (0.781) between Foundational Registry Females and Foundational Registry Males implies that an increase in female entries in the Foundational Registry corresponds to a parallel increase in male entries.

On the opposite, values approaching -1 (Ratner 2009) indicate a substantial negative correlation, suggesting that as one variable rises, the other tends to decline. The negative correlation of -0.500 between Foundational Registry Females and Birth Auxiliary Registry Females implies that as females in the Foundational Registry increase, there is a corresponding decrease in females within the Birth Auxiliary Registry. This finding may derive from the fact that when the number of females in the Foundational Registry increases, the likelihood of newborn animals from animals already registered in the population increases as well.

However, interestingly, Birth Auxiliary Registry Females, presented zero correlation to other variables, suggests a lack of a linear association with other registry categories and sexes. A correlation of 0 (Schober, Boer & Schwarte 2018) signifies an absence of a linear relationship between variables. This denotes the greater importance of female censuses than male censuses in the consolidation of a population as a breed, specially in those registries which mark the starting point of a breed and which lay the basis for the future of the efficacy of conservation strategies of such population (Scherf).

Positive correlations with Foundational Registry Males, Total, and Birth Auxiliary Registry Total imply a simultaneous escalation in these categories with an increase in female entries in the Foundational Registry. Conversely, negative correlations with Birth Auxiliary Registry Females and Birth Definitive Registry Females suggest a reduction in these categories as the number of females in the Foundational Registry increases, which in turn may derive from the fact that the more females are initially registered, that is the more solid the basis of a population is, the lower is the relevance of accessory registries (Sánchez Rodríguez & Muñoz Mejías 2003).

Indeed, these findings are also supported by the positive correlations with Auxiliary Registry Males and Total reveal a consistent trend in the numbers of females, males, or the overall total within the Auxil-

iary Registry category. Negative correlations with Foundational Registry Females and Definitive Registry Females indicate an inverse relationship with these categories.

A robust positive correlation with Foundational Registry Total and Birth Definitive Registry Total implies a simultaneous upswing in numbers across these categories. The distinction between Birth auxiliary and definitive registries is only performed autonomically, not nationally. This may be the cause for such positive correlations found.

The same was found for definitive registry in males. Positive correlations with Foundational Registry Males, Total, and Definitive (Medina & Vilas 1986) Registry Females suggest a tendency for these variables to increase together, which confirms the importance for endangered dog populations, to be supported on a solid foundational basis. Indeed, again, the more solid this foundational basis is the lowest the importance of accessory registries is as well as suggested by the negative correlations with Birth Auxiliary Registry Males and Auxiliary Registry Males indicate an inverse relationship.

Robust correlations within genders point to a consistent pattern in registration between different registry types for each gender, indicative of a systematic approach to registration within each gender category. Strong positive correlations of the “Total” category with various subcategories highlight an overall alignment or coherence in the registration patterns across different types of registries.

The absence of correlation between Birth Auxiliary Registry Females and with any other category suggests potential independence or a lack of a linear relationship between the number of females in the Birth Auxiliary Registry and other registry types. Further exploration into the nature of this registry could yield valuable insights.

CONCLUSIONS

This comprehensive examination of correlations provides valuable insights into the underlying dynamics of the studbook, shedding light on the interconnectedness and patterns that drive breeding and registration behaviors within the studied population. Utilizing Pearson’s Product Moment Correlations unveils nuanced relationships within the studbook, providing a comprehensive understanding of registration dynamics. When dog endangered populations are supported on a solid foundational basis, specially concerning female censuses, the possibilities of success for such population to evolve into an standardized breed increase as well. This denotes the special relevance of female censuses in early stages of configuration of Standardized dog populations (breeds). Indeed, the more solid the foundational basis of a population is, the lesser are the effort to be made in accessory registries, such as the auxiliary registry. These findings offer valuable insights for studbook management and encourage further investigations into specific registry categories, fostering a holistic comprehension of

breeding patterns within the studied population. In conclusion, the correlation analysis serves as a valuable tool for identifying associations between different types of registries. However, it is important to note that correlation does not imply causation. While the table provides a starting point for understanding relationships, further exploration, and consideration of domain-specific knowledge are essential for a nuanced interpretation.

ACKNOWLEDGMENTS

The authors express sincere gratitude to the Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí, and Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya for their invaluable support and collaboration in making public essential insights and data that were eventually used for this study. The commitment and dedication of these organizations to the preservation and promotion of canine breeds in the Balearic Islands have significantly enriched the research, enabling their comprehensive understanding and permitting the evaluation of the genetic dynamics and evolutionary patterns of the breeds and breed groups present in the archipelago. Their expertise and contributions have been instrumental in advancing our knowledge of the breed populations, reflecting their deep commitment to the conservation and welfare of these unique canine breeds.

FUNDINGS

The present research was carried out during the covering period of a Ramón y Cajal Post-

Doctoral Contract with the reference MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union "NextGenerationEU"/PRTR.

BIBLIOGRAPHY

- Real Decreto 558/2001, de 25 de mayo, por el que se regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura.*, by Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación.
- Filzmoser, P, Hron, K, Templ, M, Filzmoser, P, Hron, K & Templ, M 2018, 'Correlation Analysis', *Applied Compositional Data Analysis: With Worked Examples in R*, pp. 149-62.
- Medina, JRG & Vilas, F 1986, 'Asociación de criadores y libro genealógico', *Bovis*, no. 8, pp. 67-78.
- CAPRIGRAN. 'Programa De Cría, Conservación, Selección Y Mejora Genética De La Raza'.
- Navas, FJ 2022, 'Curso Formación de Jueces Ca de Conills Menorca', in.
- Puth, M-T, Neuhäuser, M & Ruxton, GD 2014, 'Effective use of Pearson's product-moment correlation coefficient', *Animal behaviour*, vol. 93, pp. 183-9.
- Quintero-Rincon, A, D'Giano, C & Risk, M 2020, 'Epileptic seizure prediction using Pearson's product-moment correlation coefficient of a linear classifier from generalized Gaussian modeling'.
- Ratner, B 2009, 'The correlation coefficient: Its values range between +1/-1, or do they?', *Journal of targeting, measurement and analysis for marketing*, vol. 17, no. 2, pp. 139-42.
- Sánchez Rodríguez, M & Muñoz Mejías, E 2003, 'Reglamentación específica del libro Genealógico de la Raza Caprina Florida'.
- Scherf, BD 1997, *Lista mundial de vigilancia para la diversidad de los animales domésticos*, FAO, Roma (Italia).
- Schober, P, Boer, C & Schwarte, LA 2018, 'Correlation coefficients: appropriate use and interpretation', *Anesthesia & analgesia*, vol. 126, no. 5, pp. 1763-8.
- Verde, A, Fajardo, J, Rivera, D, Valdés, A & Obón, C 2009, 'Los recursos biológicos en la Manchuela: un Patrimonio Natural y Cultural a proteger', *Revista alaxarch, Revista de Estudios de la Manchuela*, vol. 4.

Preserving Balearic Native Dog Breeds: Evaluation and Importance of Developing Standards for Breed Differentiation

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Carlos Iglesias Pastrana², Antonio González Ariza³, Juan Vicente Delgado Bermejo ⁴ and Francisco Javier Navas González ^{4,*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Consejería de Agricultura, Pesca y Medio Natural Govern Illes Balears, 07009 Palma, Spain; janzor@irfap.es (J.M.A.P.); apons@irfap.es (Á.L.P.B.)

² Department of Agricultural and Food Sciences, University of Bologna, Italy; ciglesiaspastrana@gmail.com (C.I.P.)

³ Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14071 Córdoba, Spain; angoarvet@outlook.es (A.G.A.)

⁴ Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, 14071 Córdoba, Spain; juanvagr218@gmail.com (J.V.D.B.)

* Correspondence: fjng87@hotmail.com (F.J.N.G.); Tel.: +34-651-679-262

Summary: This scientific study delves into the characteristics that define various dog breeds, particularly those indigenous to the Balearic Islands. The research examines factors such as ear type, body proportions, and recognition by canine organizations, shedding light on how these elements contribute to breed differentiation. The study emphasizes the importance of accurate breed standards, as alterations can impact public recognition and the preservation of unique traits. The findings highlight the dynamic nature of breed standards, necessitating ongoing research for precise descriptions. The journey of recognition for local indigenous breeds involves regional, national, and international phases, reflecting commitment and complexity. In the Balearic Islands, diverse recognition levels exist, with certain breeds standing out as promising candidates for global acknowledgment.

Abstract: The present research aims to use CHAID and Generalized Procrustes Analyses to identify defining variables for canine breeds, focusing on indigenous breeds in the Balearic Islands. Key factors include functional classification, ear configuration, withers prominence, arm length, Withers/Croup height ratio, abdomen shape, and body proportionality. The study underscores the dynamic nature of breed standards and the need for ongoing research to ensure accurate descriptions. Breed standards lacking specific variables may impact the comprehensive understanding of racial characteristics. The findings emphasize the crucial role of recognition status and functionality in breed differentiation. Caution is advised in modifying breed standards, highlighting the necessity for evidence-backed validity. The study concludes by discussing the diverse recognition levels of Balearic indigenous breeds and their journey toward global acknowledgment, showcasing the complexities involved in the process.

Keywords: Protection structures; Breeders association; Racial Standard; Zoometrics; Phaneroptics; Functionality

Citation: To be added by editorial staff during production.

Academic Editor: Firstname Last-name

Received: date

Revised: date

Accepted: date

Published: date



Copyright: © 2023 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

1. Introduction

The Balearic Islands, nestled in the pristine Mediterranean, host a rich cultural heritage rooted in a harmonious blend of history, tradition, and biodiversity. At the heart of this unique cultural landscape lie the indigenous dog breeds of the region. Forged over centuries of coexistence with the island's inhabitants, these breeds have played a crucial role in the daily lives of the Balearic people, serving as loyal companions, guardians, and

working partners. Officially recognized are five dog breeds: the Ca de Bestiar (CB), the Ca de Bou (CBOU), the Ibicean Hound (PI), the Majorcan Ca Rater (CR), and the Ca Mè (CM), along with a breed grouping known as the Menorcan Ca de Conills (CC) [1] [2].

Before official recognition, whether as purebred dog breeders' associations or breed groups, breeders of these lineages organized themselves into clubs or associations between 1978 and 2010 to aid in the conservation and breeding of these genetic resources in an organized manner [3].

However, in recent times, the preservation of these valuable indigenous dog breeds has faced numerous challenges. Modernization, urbanization, and changing social preferences have posed a threat to the continuity of these breeds, jeopardizing the erosion of cultural heritage, functional utility, and genetic diversity. Crossbreeding with foreign breeds, as described by various authors such as Payeras and Falconer [4], Puigserver i Gil de Sola [5] and Gual Fournier [6], has been and continues to be a risk to the loss of purity.

To address these concerns, the development and implementation of breed standards emerged as a crucial initiative to safeguard the future of the Balearic Islands' indigenous dog breeds. Recognition as a purebred involved associations in rigorous work, based on the study of resilient specimens, starting with an understanding of the populations' origins and culminating in the description of their breed pattern. These efforts served as a foundation to argue that these initial populations, over time and through isolation, have constituted themselves as breeds, leading to official recognition by Spanish authorities [7]. The journey to create breed standards for these dogs promises not only the protection of their invaluable legacy but also the potential to revitalize their role in the cultural fabric of the islands and beyond.

Through a fusion of genetic knowledge, cultural perspectives, and practical applications, breed standards encapsulate the unique morphological traits which make these breeds specially suited for the environments where they develop their work, temperaments, and functional characteristics of these breeds, combining tradition and modernity as one of the first steps in the quest to safeguard the indigenous canine breeds of the Balearic Islands.

Generalized Procrustes Analysis (GPA) and CHAID (Chi-squared Automatic Interaction Detection) trees serve as powerful tools in the realm of breed standard selection, particularly when identifying distinctive elements across different canine breeds. GPA allows researchers to align and superimpose shapes, aiding in the precise comparison of morphological traits across breeds. By capturing variations in size, proportions, and configurations, GPA offers a comprehensive understanding of unique features that contribute to breed distinctiveness. On the other hand, CHAID trees provide a structured approach to exploring relationships between variables, identifying key factors that significantly differentiate breeds. The combination of these analyses can be of utmost use in the selection of elements within a breed standard that truly set each breed apart. GPA's ability to highlight subtle shape nuances complements CHAID's capacity to pinpoint influential variables, creating a synergistic approach. This comprehensive methodology not only enhances the precision of breed standards but also contributes to a deeper understanding of the morphological and genetic factors that contribute to the distinct identity of each breed. In essence, the integration of GPA and CHAID trees offers a robust framework for breed standard development, ensuring that the selected elements are not only distinctive but also representative of the intricate characteristics that define each breed [8].

The aim of the present study is to delve into the importance of creating a breed standard as a fundamental tool for the preservation and revitalization in the particular case of endangered dog breeds. It explores the multifaceted nature of such a standard, emphasizing not only which morphological or phenoptical elements may be determinant for the differentiation of breeds, but also their role in conserving the cultural legacy of the Balearic Islands and in maintaining the functional capabilities and genetic diversity of these dogs to ensure their continued relevance and resilience in the face of contemporary challenges.

2. Materials and Methods

2.1. Sample: Breed Standards

Breeds considered in the present study were as follows; the Ca de Bestiar (CB), the Ca de Bou (CBOU), the Ibicean Hound (PI), the Majorcan Ca Rater (CR), and the Ca Mè (CM), along with a breed grouping known as the Menorcan Ca de Conills (CC). The breed standards for CB, CBOU, and PI were published in Royal Decree 558/2001, which regulates the official recognition of organizations or associations of purebred dog breeders, published in the BOE No.142 dated 14/06/2001 [7]. The standard for CBOU was amended in 2017 in BOIB No.21 through Decree 8/2017 dated 18/02/2017 [9], and for the CR and CM breeds in Order APA/807/2004 updating the annex of Royal Decree 558/2001, published in BOE No.77 dated 30/03/2004 [7]. In the case of CC, although no breed standard has been officially recognised, the association defined and routinely considers an unofficial traditional standard of the breed (Figure 1).

Breed standards were evaluated to extract the information to be used in statistical analyses. Information was sorted and organized across breeds as shown in Table S1.

As described in Table S1, the evaluation begins with the Belly, focusing on the intricate details of the Trace. Moving on to the broader Body cluster, a comprehensive analysis unfolds, covering Proportionality, Withers Skin condition, Withers Prominency, Withers Width, and Height or Croup Height. The Chest cluster is then examined for Depth, Width, Muscle Development, Length, and Sternon. Attention shifts to the Coat, where characteristics such as Hair Texture, Hair Length, and Hair Colour are considered.

The evaluation delves into the intricacies of the Craneal Region, assessing Approximate Proportions, Width and Length, Forehead Shape and Width, Occipital Crest, Frontal Groove, Alignment of Cranial and Facial Axes, and Frontonasal Depression. Subsequently, the Croup cluster is scrutinized for Shape and Muscle Development, while the Dorsal Line undergoes assessment for Profile, Muscle Development, and Length. Features of the Ears cluster, including Shape, Implantation, Size, Position, and Fold Presence, are carefully considered.

Eliminatory Faults gather diverse features from various clusters, ranging from Back, Behaviour, Belly, Chest, Coat and Phaneroptics, Croup, Fore extremities, Head, Height at Withers, Mouth, Neck, Proportions, Rear extremities, Reproductive Tract, Tail to Weight.

The Eye Lids are evaluated for Conformation, while the Eyes cluster involves Size, Shape, Colour, Sight, Separation, and Position considerations. For Female Size, parameters include Height at Withers and Weight.

Features within the Fore Extremities cluster cover Arm, Elbow, Carpus and Metacarpus, Fingers, Interdigital Membrane, Scapulohumeral Angle, and Humeroradial Angle. The General Appearance cluster considers Sexual Dimorphism and Temperament/Behaviour. The Head cluster, integral to the assessment, includes Structure, Size, Shape, Length, Proportions, Muscle Development, Symmetry, and Definition of Muscle Groups.

Other crucial aspects encompassed in the evaluation involve Jaws with Masseteric Conformation, Lips involving Size and Colour, and Loin focusing on Width. Major Faults compile diverse features such as Size/Proportions, Mouth, Head, Tail, Belly, Coat and Phaneroptics, Teeth, Thorax, Fore extremities, and Rear extremities. The Male Size is assessed through Height at Withers and Weight, while the Minor Faults cluster includes considerations of Behaviour, Tail, and Teeth.

Further traits include Mouth, assessed for Profile, Movements involving Type, Neck with considerations for Muscle Development, Thickness, Insertion, Profile, Length, and Dewlap. The Palate is assessed for Colour, and the Rear Extremities cluster covers Muscular Development, Thig Length, Leg Length, Hock Width, Toes, Coxofemoral Angle, Femorotibial Angle, and Tibiotarsianus Angle. The cluster of Recognition/Classification pertains to Recognition/Classification, while Shoulders are evaluated for Shape and Length. The Skin cluster considers Thickness and Folds Present, and the Snout cluster involves Snout Size, Snout Colour, and Snout Width. The Tail is assessed for Implantation,

Length, Trace, Birth, and Section. Finally, Teeth are evaluated for Bite Type, Thorax for Shape, and Use for Function.



Figure 1. Endangered dog breeds in the Balearic Island; Officially Recognised: (A) Ca de Bestiar (CB), (B) Ca Mè (CM), (C) Ca de Rater (CR), (D) Ibicean Hound (PI), (E) Ca de Bou (CBOU) and Breed Agroupation: (F) Menorcan Ca de Conills (CC).

2.2. Statistical Analysis

To thoroughly explore all elements shaping the breed standard of the breeds under study, two different analyses were conducted. On one hand, Chi-squared Automatic Interaction Detection (CHAID) decision tree [10] were employed, and on the other, a generalized Procrustes analysis was performed.

2.2.1. Generalized Procrustes Analysis (GPA)

Generalized Procrustes Analysis (GPA) was applied in this study to mitigate scale effects and distinguish which where the elements present in a dog breed standard for which a consensus configuration among breeds was obtained [11]. Its purpose extended to facilitating the comparison of the traits reported in Table S1.

The primary goal of Generalized Procrustes Analysis in this study was to transform the data, eliminating scaling and positional effects, thereby obtaining a consensus configuration for subsequent use in external preference mapping. The XLSTAT software's Sensory Data Analysis routine, version 2018.5 by Addinsoft, Paris, France, was employed for the Generalized Procrustes Analysis. The information was extracted from the evaluation of the breed standards for each of the five dog breeds that are Officially recognized: the Ca de Bestiar (CB), the Ca de Bou (CBOU), the Ibicean Podenco (PI), the Majorcan Ca Rater

(CR), and the Ca Mè (CM), along with a breed grouping known as the Menorcan Ca de Conills (CC). 177

External preference mapping was utilized to link breed standards to each of the elements considered in the definition of such standards. This mapping aimed to discern the dimensionality of breed standards in the context of breeds and breed aggrupation. 178

The initial step of the external preference mapping method involved visually mapping breeds based on the elements that they comprise, creating a sensory map using the PREFMAP method of XLSTAT software. 179

Subsequently, two permutation tests were conducted to ascertain the percentage of variance explained by the consensus among breeds and determine the optimal number of dimensions for analysis. The first test verified the authenticity of the consensus configuration, while the second determined the number of dimensions to retain, based on 500 permutations. 180

Following these tests, unstandardized Principal Component Analysis (PCA) was performed, aligning configurations with the consensus under PCA constraints. The resulting PCA transformation was then applied to each breed configuration, and eigenvalues were calculated to indicate the fraction of variability attributed to each axis. 181

The results were separated into consensus configurations for each Breed standard elements, and object (breed) coordinates from the consensus configuration were used in a subsequent PREFMAP analysis to generate an external preference map. 182

2.2.2. Chi-squared Automatic Interaction Detection (CHAID) 197

2.2.2.1. CHAID Decision Tree 198

The data mining technique employed in this study is the Chi-squared Automatic Interaction Detection (CHAID) decision tree [10]. This method serves multiple purposes, including classification, prediction, interpretation, and manipulation of discretely categorized data. The CHAID-based algorithm decision support tool comprises a structure with a root node, branches, and leaf nodes. Internal nodes are built around breed standard elements (input variables) using a Chi-square test significance split criterion ($P < 0.05$) as a prepruning step to differentiate across dog breeds. Pruning, either pre or post, is implemented to prevent the tree from having an excessive number of branches and to ensure pursuit of branches that significantly contribute to the overall fit. After exhaustive computation of a tree depicting significant relationships across independent variables, irrelevant nodes are discarded. CHAID incorporates an element of penalization, derived from model complexity, with the use of Bonferroni inequality to adjust for significance levels. The method resembles forward stepwise regression, incorporating chi-squared tests instead of F-to-enter-based tests. 199

2.2.2.2. CHAID DT Cross-Validation 213

To assess the reliability of the data mining CHAID decision tree, cross-validation was performed. This involved measuring differences in prediction error between a tree applied to a new sample and a training sample. A ten-fold cross-validation was employed to validate the decision tree, ensuring that the predictors considered explained significant differences across breed groups. The process involved comparing prediction errors for a tree applied to a new sample (resubstitution/replacement error rate) and a training sample (cross-validation error rate). The cross-validation error rate, an average of risks across the ten test samples, determined the model's accuracy in generalizing for unseen data. The tree with the lowest cross-validation error rate, indicating the best fit, was selected. Contrastingly, the resubstitution error rate, indicating misclassified observations, decreases with increasing tree depth. The optimal tree depth was determined based on the shallowest tree whose cross-validation risk did not exceed the risk of the minimum cross-validation risk tree plus one standard error, ensuring a balanced and accurate model. 214

3. Results

Multicollinearity analysis suggested no variable should be discarded from analyses (VIF<5). Table 1 provides a summary of the effectiveness of each transformation applied in Generalized Procrustes Analysis (GPA) concerning the reduction of total variability.

Table 1. Generalized Procrustes Analysis transformation efficiency analysis.

Source	DF	Sum of squares	Mean squares	F	Pr > F
Residuals after scaling	1368	477.287	0.349		
Scaling	342	9.991	0.029	0.084	1.000
Residuals after translation	1710	487.278	0.285		
Translation	342	299.352	0.875	2.509	< 0.0001
Corrected Total	2052	786.630	0.383		

The Procrustes superimposition involves three stages after 2 iterations, encompassing translation to a common centroid, scaling to the same centroid size, and orthogonal rotation to minimize squared distances between corresponding landmarks [12]. The GPA transformation efficiency analysis is presented in terms of mean squares, degrees of freedom, F-values, and p-values.

According to Table 1, translation emerges as the sole efficient transformation method (P < 0.001). Translation to a common centroid refers to the average distance between the landmark points of two datasets, in our case, each breed. In this study This effectiveness is likely attributed to significant difference across the breed standards in the analysis. Figure 2 illustrates the residuals by breed after the transformations detailed in Table 1.

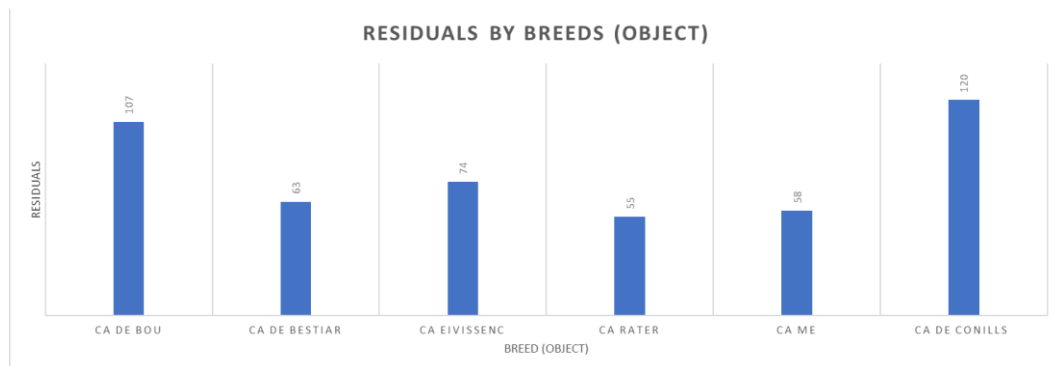


Figure 2. Residuals per officially recognised dog breed or breed aggruppation.

Notably, Ca de Rater (CR) exhibits the smallest residual, suggesting the highest within breed consensus, which may suggest the highest definition of the breed standard, shortly followed by Ca Mè (CM). Breeds decreasing consensus (increasing residuals) in regards the breed standard are CC and CBOU, followed by PI and CB. Ca de Conills (CC) was the breed for which the highest residual was found, which may derive from the fact that there is still a lack of definition of an official breed standard.

Table S2 presents residuals by Breed Standard Element after the applied transformations, with Eyes Position (Low/Central/High) and Craneal Region (Approximate Proportions Head) exhibiting the highest residual value (≈6). This suggests a divergence across breeds when these elements are considered.

Concerning the residuals for the breeds in the GPA, the CM; and finally, the CR shows the highest consensus regarding the definition of its racial standard conformity. Regarding the configurations of the analysis, variables with less consensus in defining the breed have values above 1. Variables with values around 6 include eye position and head proportionality. Variables with values approximately around 5 include chest length, coat

texture, disqualifying faults (fringes on the tail, unauthorized layers, unauthorized eye colours), and ear shape. Variables with values around 4 include aspects related to the head, such as its shape, width, size, and length, as well as the prominence of the occipital crest and ear implantation, in addition to neck profile. They also encompass the chest, considering its width and muscular development, the shape of the croup, the width of the back, height at the withers, and weight in females, the distribution of white spots in the coat, disqualifying faults regarding the width of the croup, and the recognition of the breed and its official classification.

Variables with values close to 3 encompass male weight, thickness and muscular development of the neck, chest shape, aspects of the head (shape, width, length, frontonasal depression, muscle definition, colour, position and presence of folds in the ears, and eye colour), temperament and behaviour, coat, conformation of the toes, and the presence of "hare feet." They also consider severe faults such as prominent stop and bulging chest, as well as disqualifying faults such as coat with depigmentation on the nose and mucous membranes, white spots in the coat or other colourations, and erect position of the ears.

Variables with values around 2 encompass various aspects, such as head structure, muscular development and tone, alignment of cranial and facial axes, maseteric conformation of the jaws, eye separation, bite type, visible expression, eyelids (conformation, firmness, definition), eye shape and size, nose colour, lip colour, and ear size. They also include neck length and the presence of dewlaps, shoulder shape and length, chest depth, dorsal line length, tail section and implantation, skin thickness, presence of skin folds, hair length and colour, scapulohumeral angle, elbow position, carpal and metacarpal position, interdigital membrane, hock width, coxofemoral angle, tibiotarsal angle, big toe length, excessive tibiofemoral angulation, height in males and females, movement type, general appearance, temperament, function or use, as well as severe faults (such as wavy or excessively long hair, head with drooping ears, moderate prognathism, cow or sickle hock, scissor bite type, short and wide head) and disqualifying faults (proportions of height at the withers and height at the croup, head with stepped skull, head with excessively large snout and drooling, chest with poorly defined sternum, excessively timid or fearful character, head with drooping ears after one year of age, head resembling that of a mastiff, very tucked belly, limited thoracic capacity, brown pigmentation or black spots on the nose, round and wide tibias with bulging veins).

Variables with values close to 1 encompass various aspects, including in the cranial region the prominence of the frontal groove, head proportions, size and width of the snout, and mouth profile. The prominence of the withers, the profile of the dorsal line, the length of the tail, the muscular development of the croup, and aspects of the front limbs such as the scapulohumeral angle, short and straight metacarpal region, and toe conformation are also evaluated. In addition, major faults such as a white tail tip and disqualifying faults such as a neck with a double dewlap, thicker near the skull than at the base, excessively thick tail, straight back, white toes, fewer than 6 toes, prognathism, type of behaviour are considered. Other aspects evaluated include sexual dimorphism, recognition and classification by the Spanish Royal Canine Society (RSCE), and breed type classification by the FCI.

Scaling factors of the GPA transformations are displayed in Figure S1, indicating whether certain specific elements within the standard were more or less variable than others.

The consensus configuration explains 100% of the original variability, and Table 2 indicates that one dimension is sufficient, supported by the F-value below the 95th percentile for the second dimension (Figure 3).

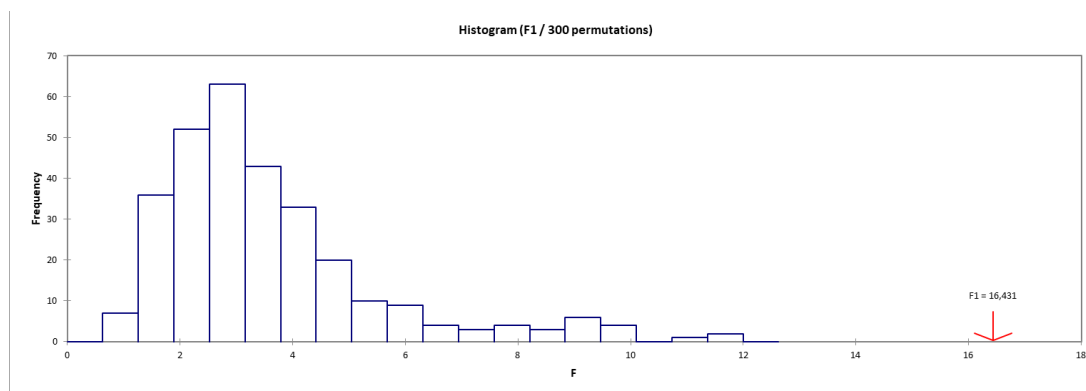


Figure 3. Histogram of the ratio between proportion of the original variance explained by the consensus configuration per 300 permutations.

Table 2. Results of the dimensions test.

Statistics	F1
Permutations	300
F	16
Quantile	100
DF1	5
DF2	2052
F (Critical value)	2
p-value	< 0.0001
alpha	0.05

The total variability of the consensus, represented on two axes, remains consistent across Breed standard elements, indicating homogeneity and a reasonable efficacy in the choice for this elements to constitute a Breed standard in dog breeds.

The permutation analysis in our study has yielded significant results, with a value of $P < 0.0001$. The differences between breeds are approximately 16 times greater than within breeds, and a single dimension is sufficient to explain the variability existing between these breeds. This indicates that by considering all the variables we have considered in a function, we are able to explain 100% of the observed variability among different breeds.

Regarding Chi-squared Automatic Interaction Detection (CHAID) decision tree [10], two regression trees (Figure 4 and 5) were created by separating variables into qualitative and quantitative breeds standard elements to identify the most relevant when defining the differences across dog breeds. In the first tree with qualitative variables, consisting of 5 parent/primary nodes, 11 child/secondary nodes and 6 breeds (objects) were addressed.

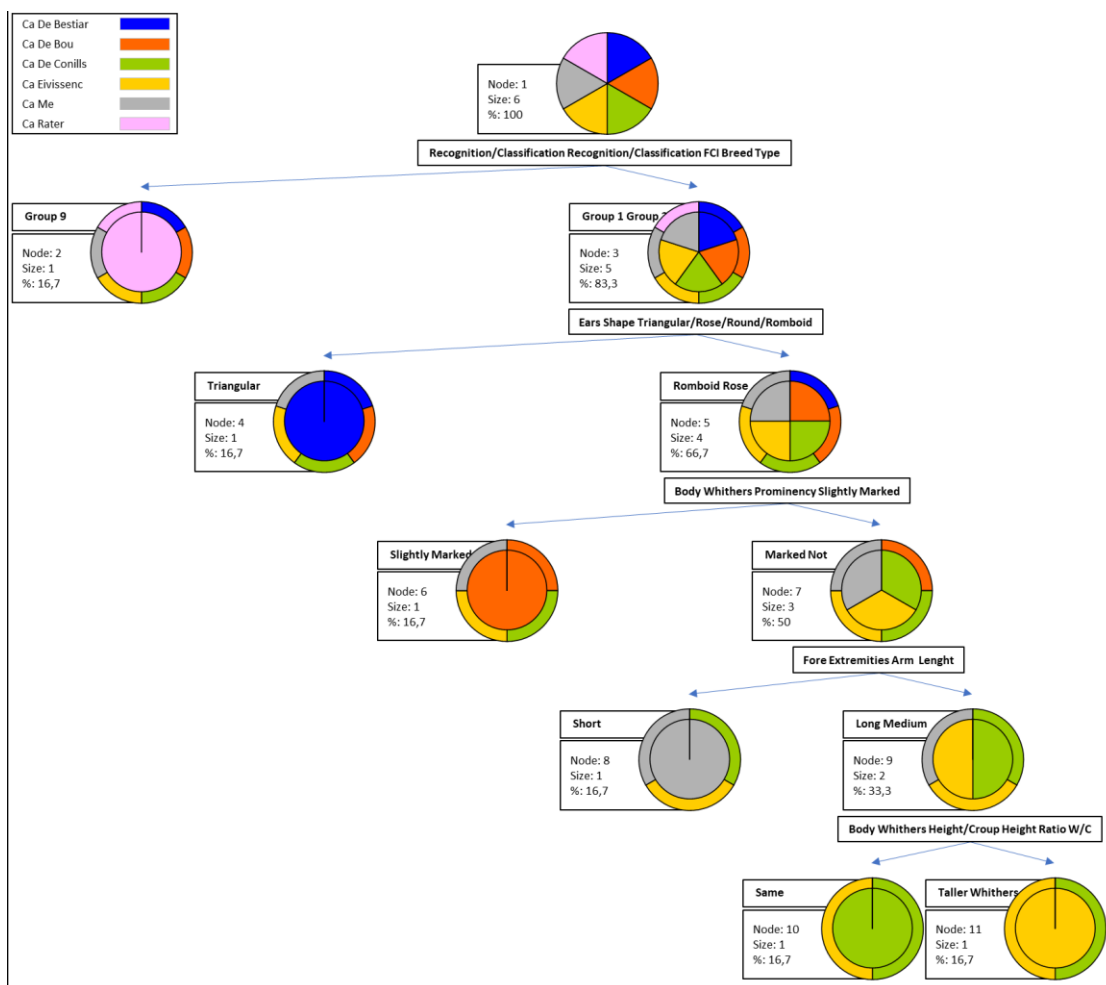
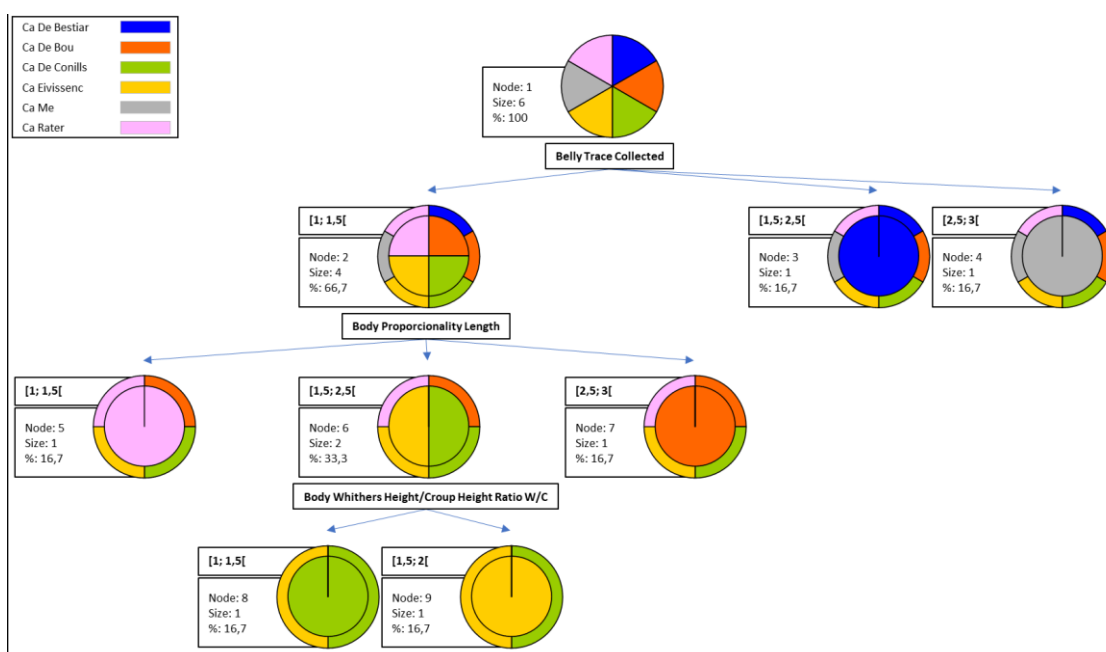


Figure 4. Chi-squared Automatic Interaction Detection (CHAID) decision tree [10] considering qualitative elements in the breed standard.



333
334
335
336
337
338

339

Figure 5. Chi-squared Automatic Interaction Detection (CHAID) decision tree [10] considering quantitative elements in the breed standard.

The root node was the functional classification of the breed according to the International Canine Federation (FCI). Two branches were generated, one with FCI Group 9, defining CR as a companion animal, and the other with the rest of the breeds with functional aptitude. This latter branch bifurcated based on ear shape, one ending in CB, characterized by triangular ears, and the other in ears shaped like a rose or rhombus. This last branch further divided by the prominence of the withers, with a node for CBOU (slightly marked withers) and another for breeds with marked or unmarked withers. From this last node, a bifurcation occurred based on the length of the front limbs, defining CM (short length) on one side and breeds with medium length on the other. This latter branch further divided by the ratio of height at the withers to height at the croup, distinguishing CC (same proportion) and PI (higher withers than croup). In the second tree, with quantitative variables and a structure of 9 nodes, including 3 parent nodes, 6 breeds (objects) were addressed. In this case, the root node focused on the conformation of the tucked belly in different breeds. Three branches emerged, two of which were terminal nodes distinguishing CM for having a tucked belly and CB for having a slightly tucked belly. The third branch included the rest of the analyzed breeds. This last bifurcation divided into three branches, with two of them being terminal nodes differentiating CBOU, characterized by the greatest body length, and at the opposite extreme, CR, which has the shortest body length. The last branch was dedicated to the remaining breeds under study. This last set was further subdivided, this time based on the ratio of height at the withers to height at the croup, highlighting CC for maintaining a uniform proportion and PI for exhibiting a greater imbalance between both measurements.

A resubstitution value of 0.833 indicates that the model correctly predicted the outcome of 83.3% of the training data. A cross-validation value of 1 indicates that the model correctly predicted the outcome of 100% of the test data 2. Additionally, resubstitution and cross validation errors were 0.152 and 0.001 respectively.

Table S3 relates the outputs from CHAID DT and the generalized Procrustes analysis (GPA). For this, moderate to strong Spearman's rho correlations (Spearman's $\rho \geq |0.5|$) with each of those variables which were deemed significant at CHAID DT ($P < 0.001$), thus were responsible for a primary or secondary node around the elements of the breed standard that mainly differentiate across breeds were calculated. Spearman's correlation values from 0.5 to 1 indicate a positive relationship, while values from -0.5 to -1 indicate a negative monotonic relationship. Afterwards, these correlations were opposed to Residuals (Measuring the consensus across breeds for breed standard elements) from GPA. Residuals above 1 mark those elements from the breed Standard for whom less consensus was reached across breeds, therefore, were more distinctive when defining a racial Standard.

4. Discussion

The defining variables identified by the first regression tree for qualitative variables in dogs include official recognition by the FCI, ear type, prominence of the withers, length of the front limbs, and the ratio between height at the withers and height at the croup. Among these variables, the main node is the FCI's functional classification of breeds, highlighted by Alanzor Puente et al. [13] as a significant parameter influencing diversity. Ear type, distinguishing between breeds, as noted by Vaysse [14], and the presence of white spots on the body, linked to a limited number of genes, as indicated by Dunner and Sevane [15], are crucial factors affecting breed characteristics. Additionally, the relationship between height at the withers and height at the croup is explored, revealing differences in vertical ground reaction forces between front and rear limbs among breeds [16]. The acute protrusion of the thoracolumbar intervertebral disc has been associated with greater height at the withers in dogs [17].

The second regression tree for quantitative variables reveals that the tucked abdomen, body length, and the ratio between height at the withers and height at the croup are

key defining variables. The main node among these variables is the tucked abdomen, identified by Jaén Téllez [18] as a distinguishing criterion for the CBOU breed. Body length, highlighted by Delgado-Bermejo, Barba Capote et al. [19], showcases highly significant differences when comparing varieties within a breed.

Analyzing the results of the generalized Procrustes analysis, CC emerges as the breed with the least defined racial pattern. This aligns with the fact that CC lacks an official racial pattern, either formally or informally, and lacks official recognition from the Ministry, although it is recognized as a racial group by the Autonomous Community of les Illes Balears. Ongoing efforts aim to establish and publish its official racial standard. Following closely in this regard is the CBOU, which underwent racial standard modifications in 2017 [9]. Despite being a breed with a well-defined pattern, the aforementioned alterations made on the standard may have contribute to a lack of clarity in breed differentiation, as indicated by the results for residuals of the breed reported in Figure 2.

This situation could potentially pose challenges in public recognition of the racial pattern, emphasizing the importance of considering these modifications when interpreting the analysis results. This underscores the significance, prior to modifying the racial standard, of conducting studies that support such changes. Racial standards evolve over time not due to the dynamism of the breed but rather based on acquired knowledge and conducted studies, always considering utility and functionality in this evolution [20]. Hence, numerous breeds currently undergo suggested standard reforms [21].

In terms of configurations, we highlight the variable of breed recognition and its classification by the RSCE and FCI, positioned at the consensus limit, as crucial for defining a breed. This occurs given not all the breeds considered in this study are presently recognised for RSCE or FCI or both, which hence becomes strong discriminant factor. According to León Gaudó et al. [22], these organizations, through their norms, strategies, and tools, handle the selection, standardization, registration, improvement, and promotion of recognized canine breeds. The FCI ensures mutual recognition of judges and pedigrees within its member countries.

Within the generalized Procrustes analysis, permutation results indicate that the set of variables used effectively defines a racial pattern, allowing clear differentiation between breeds. Racial standards lacking the considered data should be complemented to achieve a more comprehensive and precise definition. For example, the CBOU's racial standard lacks details about the back. Additionally, breeds like PI, CR, and CM do not provide approximate angulations of joints in front and rear limbs. Furthermore, the issue of sexual dimorphism is addressed only in CM, without mention in the rest of the breeds. These omissions in information may impact the comprehensive understanding of racial characteristics and standards for these breeds, suggesting the need for a review and supplementation of existing documentation.

Regarding the correlation between regression trees and generalized Procrustes analysis, the chosen variables, with higher correlation and lower consensus in defining a racial pattern, are closely related to breed recognition and classification. These variables include official recognition by the FCI, ear configuration, prominence of the withers, length of the front limbs, the relationship between height at the withers and height at the croup, the tucked abdomen, and body proportionality.

Our results suggest that the classification into different official recognition groups by the FCI may focus on specific body characteristics crucial for breed differences. These encompass various features, such as the prominence of the withers [18], chest depth [23], sternal definition, acceptable coat colours [24], skin thickness [25], and tail width [26]. In the cranial region, differences in size [27], occipital crest prominence [28], muscle group definition, masseter jaw conformation [29], eye colour and shape [24], and ear fold presence [18] are considered. FCI recognition also considers eliminating faults (some causing diseases), including ill-defined sternum, depigmentation [30], or spots outside permitted areas [31]. Furthermore, factors such as ear position [32], excessively large snout proportions with drooling [33], and a stepped skull shape [34] are taken into account, along with

disproportions in body length [35] or croup height compared to withers height [35]. Additionally, general considerations encompass sexual dimorphism [36], temperament and behaviour traits [37], and male weight [38]. Lastly, the RSCE recognition [39] and functionality [40] are considered.

According to our findings, ear configuration in dogs is linked to specific body characteristics that could be crucial for breed differentiation. These include prominence of the withers [18], chest depth [23], neck [28], shoulders, chest, and various coat colours and textures [41]. In the cranial region, factors such as ear shape [42], size, structure, and differences in alignment between cranial and facial axes [43], frontonasal depression definition, and ear (implantation [39], position [44], shape [45], presence of folds) are considered. Eliminating faults encompass various aspects, such as behaviour [46], coat [47], croup width [18], neck dewlap [48], excessive tibiofemoral angulation [49], and tail [50]. Severe faults include aspects related to coat [18], head, prognathism [51], and hind limbs [29]. Furthermore, general considerations involve appearance aspects related to movement type [30], temperament and behaviour, as well as weight and height in both sexes. Finally, RSCE recognition and functionality [22] are emphasized.

Our results indicate that the prominence of the withers in dogs is related to specific body characteristics that could be crucial for distinguishing between canine breeds. These include aspects of the neck (presence of dewlap, length, muscle development, thickness), chest (width, muscle development [18], and sternal prominence [52]), shoulders (length and shape) [39], thorax shape [29], coat (hair length, colour variations), croup shape [39], dorsal line length [53], front limbs [43] (carpal and metacarpal inclination, elbow position [39], and interdigital membrane presence [44]), hind limbs (angles, hock width [43], and thigh length [18]), and tail length [21]. In the cranial region, the evaluation includes shape, alignment of cranial and facial axes [43], frontonasal depression definition, ears (implantation, shape, and height), and eye colour [54]. Eliminating faults cover several aspects, such as behaviour, coat, croup width, front limbs, neck, hind limbs, and tail. Severe faults include white mark on the chest [28], all toes on one foot being white [55], and wavy [56] or excessively long coat. Additionally, general considerations encompass sexual dimorphism, temperament and behaviour traits, as well as weight and size in both sexes. Finally, RSCE recognition and functionality are highlighted [57].

Our results suggest that the length of the front limbs in dogs is associated with specific body characteristics that could be crucial for distinguishing between canine breeds. These characteristics include the prominence of the withers [18], the prominence of the sternum, neck length [39], shoulder shape, dorsal line length, and the scapulohumeral angle [58]. The length of the thighs, coat characteristics (hair length, colour variations), tail (width, length, or absence [59]), and cranial features such as the alignment of cranial and facial axes, the presence of folds in the ears, eye shape, and masseteric conformation of the jaws are considered. Additionally, eliminating faults include behaviour, chest, unwanted colour distribution of the coat, spots, pigmentation [18], and features of the front limbs. Severe faults include the white mark on the chest [28], all toes of one foot being white [55], and excessively wavy coat [56]. General considerations cover aspects of sexual dimorphism, temperament, and behaviour traits, as well as weight and size in both sexes. Lastly, RSCE recognition and functionality are emphasized [22].

According to our results, the relationship between height at the withers and height at the croup in dogs is linked to specific body characteristics crucial for distinguishing between canine breeds. These include aspects of chest depth [60], the presence of dewlap, dorsal line conformation, front limbs (elbow position and scapulohumeral angle [58]), foot conformation in both limbs [61], skin thickness [25], coat variations, and tail width. In the head, the shape, muscle development, masseteric conformation of the jaws, bite type, eyes (shape, definition, form, colour, and eyelid conformation [62]), and ears (shape, position, and presence of folds) are considered. Eliminating faults include sternal definition, undesired colour distribution in the coat, various head and neck traits, as well as disproportions in body length or croup height compared to withers height. Severe faults include

scissors bite [63], undesired markings in the coat, and drooping ears [18]. General considerations cover aspects of temperament and behaviour traits, as well as weight and size in both sexes. Lastly, the functionality of the animal is highlighted.

Our results also indicate that the tucked abdomen in dogs is associated with specific body characteristics crucial for distinguishing between canine breeds. These include aspects of chest depth [60], front limbs (carpal and metacarpal inclination), finger conformation, and hare feet presence [64] in both limbs, skin thickness, coat colour variations, and tail length. In the head, the shape, structure, muscle development, lip colour [28], ears (size and position), and nose colour [24] are considered. Additionally, severe and eliminating faults include undesired ear conformation traits [44]. General considerations cover aspects of temperament and behaviour traits of the animal.

According to our results, body proportionality in dogs is related to specific body characteristics crucial for distinguishing between canine breeds. These include aspects of chest depth, dewlap presence [48], dorsal line conformation, front limbs (elbow position [39] and finger characteristics), skin (thickness and presence of folds), coat variations [65], and tail width. In the head, the definition, muscle development, masseteric conformation of the jaws, bite type, eyes (conformation, definition, shape, colour, and eyelid conformation [62]), and ears (shape, position, and presence of folds) are considered. Additionally, eliminating faults encompass the abdomen conformation [18], chest, sternum definition, thoracic capacity [44], coat, head, neck, and tail width. Severe faults include drooping ears, hind limb issues, prognathism, bite type, and coat characteristics. General considerations involve aspects of movement type [30], temperament and behaviour traits, as well as weight and size in both sexes. Lastly, RSCE recognition and functionality [57] are highlighted.

5. Conclusions

In conclusion, the analysis of CHAID and generalized Procrustes offers crucial insights into defining variables for canine breeds and their impact on breed differentiation. Breed standards lacking certain variables should be completed for precision, as omissions can impact the overall understanding of racial characteristics. Alterations to racial patterns may negatively affect public recognition. While certain morphological traits are crucial, the recognition status and functionality of a breed are decisive for successful implementation. The findings underscore the dynamic nature of breed standards, necessitating ongoing research for accurate descriptions. Caution is urged in modifications, requiring evidence-backed validity. The main defining variables include functional classification, ear configuration, withers prominence, arm length, withers/croup height ratio, abdomen shape, and body proportionality. The journey of recognition for local indigenous breeds involves regional, national, and international phases, reflecting commitment and complexity. In the Balearic Islands, diverse recognition levels exist, with breeds like CC regional recognition seeking national official recognition, and breeds such as CR and CM, for whom RSCE acknowledges their restoration status, which may stand out as promising candidates for RSCE and FCI official recognition, showcasing dedication to global acknowledgment.

Supplementary Materials: The following supporting information can be downloaded at: www.mdpi.com/xxx/s1, Table S1: Official Breed Standard for Balearic Dog Breeds (Ca de Bou, Ca de Bestiar, Ca de Rater, Ca Mè and Ibicean Hound) and Breed Groups (Ca de Conills) used to perform statistical analyses in the present study; Table S2: Residuals per Breed Standard Element; Table S3: Spearman's Rho Correlation (Moderate to Strong Spearman's $\rho \geq |0.5|$) of Breed Standard Elements with Variables deemed Significant ($P < 0.001$) at CHAID; Figure S1: Scaling factors for each Breed Standard Element (configuration).

Author Contributions: Conceptualization, José Manuel Alanzor Puente and Francisco Javier Navas González; Data curation, José Manuel Alanzor Puente, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza and Francisco Javier Navas González; Formal analysis, José Manuel Alanzor Puente, Carlos

Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza and Francisco Javier Navas González; Funding acquisition, Águeda Laura Pons Barro and Juan Vicente Delgado Bermejo; Investigation, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Methodology, José Manuel Alanzor Puente, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza and Francisco Javier Navas González; Project administration, Águeda Laura Pons Barro and Juan Vicente Delgado Bermejo; Resources, Águeda Laura Pons Barro and Juan Vicente Delgado Bermejo; Software, José Manuel Alanzor Puente, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza and Francisco Javier Navas González; Supervision, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Validation, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Visualization, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Writing – original draft, José Manuel Alanzor Puente and Francisco Javier Navas González; Writing – review & editing, Águeda Laura Pons Barro, Carlos Iglesias Pastrana, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. All authors read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: The present research was carried out during the covering period of a Ramón y Cajal Post-Doctoral Contract with the reference MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union “NextGenerationEU”/PRTR.

Institutional Review Board Statement: Not applicable.

Informed Consent Statement: Not applicable.

Data Availability Statement: Data will be made available from corresponding author upon reasonable request.

Acknowledgments: The authors express sincere gratitude to the Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí, and Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya for their invaluable support and collaboration in making public essential insights and data that were eventually used for this study. The commitment and dedication of these organizations to the preservation and promotion of canine breeds in the Balearic Islands have significantly enriched the research, enabling their comprehensive understanding and permitting the evaluation of the genetic dynamics and evolutionary patterns of the breeds and breed groups present in the archipelago. Their expertise and contributions have been instrumental in advancing our knowledge of the breed populations, reflecting their deep commitment to the conservation and welfare of these unique canine breeds.

Conflicts of Interest: The authors declare no conflict of interest.

6. References

- Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural Decret 5/2007, de 2 de febrer, pel qual s'aprova el Catàleg d'agrupacions racials dels animals domèstics autòctons de les Illes Balears i es regulen les entitats dedicades a fomentar-los. BOIB núm. 020, de 8 de febrer de 2007, Mallorca, Spain.
- Navas, F.J. II Jornada sobre el Ca de Conill de Menorca. 30 April to 1st May, 2022, MErcadal, Menorca, Spain, 2023.
- Anguera Sansó, B. *Races Autòctones de les Illes Balears*; Conselleria d'Agricultura i Pesca. Govern de les Illes Balears, 2003.
- Payeras, LL.; Falconer, J. *El Ca Rater Mallorquí*; Oficina de la caça. Departament de Medi Ambient i Natura. Consell de Mallorca: Mallorca, Spain, 1998.
- Puigserver i Gil de Sola, G. *Els animals domèstics de raça autòctona de Mallorca*. PRAM (Patronat de les Races Autòctones de Mallorca): Mallorca, Spain, 1998.
- Gual Fournier, S. *El Ca de Bou. El mítico Perro de Presa Mallorquí*; Ed. Sergio Gual Fournier: Mallorca, Spain, 2010.
- Spanish Ministry of Agriculture, Fisheries and Food. Royal Decree 558/2001, of May 25, which regulates the official recognition of organizations or associations of purebred dog breeders. «BOE» No. 142, June 14, 2001, pages 21156-21182.

8. Barbosa Mireles, M.A.; López Islas, R.J. Zootecnia de Perros y Gatos. Universidad Autónoma del Estado de México, México, 2013. 603
604
9. Conselleria d'Agricultura, Pesca i Medi Natural. Decree 8/2017, of February 17, which regulates the racial prototype of the ca de bou, BOCAIB of February 18, 2017, Mallorca, Spain. 605
606
10. Earl, D.A.; VonHoldt, B.M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conserv. Genet. Resour.* **2012**, *4*, 359-361. 607
608
11. Dijksterhuis, G.B.; Gower, J.C. The interpretation of generalized procrustes analysis and allied methods. *Food Qual. Prefer.* **1991**, *3*, 67-87. 609
610
12. Goodall, C. Procrustes methods in the statistical analysis of shape. *J. R. Stat. Soc. Series B Stat. Methodol.* **1991**, *53*, 285-321. 611
13. Alanzor Puente, J.M.; Pons Barro, Á.L.; de la Haba Giraldo, M.R.; Delgado Bermejo, J.V.; Navas González, F.J. Does functionality condition the population structure and genetic diversity of endangered dog breeds under island territorial isolation? *Animals* **2020**, *10*, 1893. 612
613
614
14. Vaysse, A.; Ratnakumar, A.; Derrien, T.; Axelsson, E.; Rosengren Pielberg, G.; Sigurdsson, S.; Fall, T.; Seppälä, E.H.; Hansen, M.S.; Lawley, C.T. Identification of genomic regions associated with phenotypic variation between dog breeds using selection mapping. *PLoS genetics* **2011**, *7*, e1002316. 615
616
617
15. Dunner, S.; Sevane, N. Genética de la coloración de capas y mucosas en el perro y en el gato. *Canis et Felis* **2014**, *130*, 1-33. 618
16. Voss, K.; Wiestner, T.; Galeandro, L.; Hässig, M.; Montavon, P. Effect of dog breed and body conformation on vertical ground reaction forces, impulses, and stance times. *Vet. Comp. Orthop. Traumatol.* **2011**, *24*, 106-112. 619
620
17. Levine, J.M.; Levine, G.J.; Kerwin, S.C.; Hettlich, B.F.; Fosgate, G.T. Association between various physical factors and acute thoracolumbar intervertebral disk extrusion or protrusion in Dachshunds. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* **2006**, *229*, 370-375. 621
622
18. Jaén Téllez, J.A. El perro ratonero-bodeguero andaluz. Diferencias con otros terriers y ratoneros españoles. *REDVET Rev. electrón.* **2012**, *13*. 623
624
19. Delgado-Bermejo, J.; Barba Capote, C.; Caballero, P.; Castro, R. Diferenciación de ecotipos en el perro de agua español. *Arch. Zootec.* **1998**, *47*, 445-449. 625
626
20. Jaén Téllez, J.A. Evolución del Patrón Racial del Perro Ratonero-Bodeguero Andaluz. *Información Veterinaria* **2012**, 23-27. 627
21. Salas Aznar, M.; Cepero Briz, R.; Monteagudo Ibáñez, L.V. Evolución y situación actual de la raza canina Mastín del Pirineo. Final Degree Project, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain, 2018. 628
629
22. León Gaudó, E.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M. Reglamentos y recomendaciones de cría canina en diferentes razas: ejemplos nacionales e internacionales. Final Degree Project, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain, 2021. 630
631
23. Liotta, L.; Bionda, A.; Cortellari, M.; Negro, A.; Crepaldi, P. From phenotypical to genomic characterisation of the mannara dog: An italian shepherd canine resource. *Ital. J. Anim. Sci.* **2021**, *20*, 1431-1443. 632
633
634
24. Álvarez, J.; Jiménez, L.; Martínez, R.; Rodríguez, Y.; Mendoza, L.; Leal, J.; Atehortua, M.; Camargo, J.; Sánchez, C. Comparación De Características Fanerópticas Entre Cuatro Razas De Sabuesos Y El Sabueso Fino Colombiano. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal AICA* **2015**, *6*, 372-380. 635
636
637
25. Castellanos, G.C.; Rodríguez, G.; Iregui, C.A. Estructura histológica normal de la piel del perro (Estado del arte). *Rev. Med. Vet.* **2005**, *1*, 109-122. 638
639
26. Mansour, T.A.; Lucot, K.; Konopelski, S.E.; Dickinson, P.J.; Sturges, B.K.; Vernau, K.L.; Choi, S.; Stern, J.A.; Thomasy, S.M.; Döring, S. Whole genome variant association across 100 dogs identifies a frame shift mutation in DISHEVELLED 2 which contributes to Robinow-like syndrome in Bulldogs and related screw tail dog breeds. *PLoS genetics* **2018**, *14*, e1007850. 640
641
642
27. Burbano López, C.E.; Castro Ordóñez, M.L. Desarrollo de un software como herramienta para el reconocimiento de patrones faciales caninos. Final Degree Project, Universidad del Azuay, Cuenca, Ecuador, 2021. 643
644

-
28. De Giuliani, C. *Enciclopedia de los perros de caza*; Parkstone International: New York, USA, 2020. 645
29. Cuomo, U. *El staffordshire bull terrier y el american staffordshire terrier*; Parkstone International: New York, USA, 2017. 646
30. Daniels-Moulin, M.-P. *El caniche*; Parkstone International: New York, USA, 2020. 647
31. Dupuis, C. *los retriever el labrador, el golden retriever y los otros retriever*; Parkstone International: New York, USA, 2018. 648
32. Ferrari, F. *El dálmata*; Parkstone International: New York, USA, 2020. 649
33. Gracia, M.C. *El perro de presa canario:(su verdadero origen)*; M. Curtó Nueva Gráfica: La Laguna, Tenerife, Spain, 1991. 650
34. Budiansky, S. *The truth about dogs: the ancestry, social conventions, mental habits and moral fibre of canis familiaris*; Hachette UK: London, UK, 2016. 651
35. Rudd Garcés, G. Análisis genético de enfermedades osteoarticulares en animales de compañía. Phd Thesis. Universidad Nacional de La Plata, 2022. 653
36. Fernández, G.; Silveira, C.; Barba Capote, C. Primeros datos de la caracterización etnológica del perro cimarrón. *Arch. Zootec.* **2002**, *52*, 223-228. 655
37. Vázquez Soto, B. Criterios de selección de perros de intervención asistida. Master Final degree Project, Universidad Internacional de Andalucía, Sevilla, Spain, 2022. 657
38. Rubio, M.C.; Briz, R.C.; de Luján, S.H. Estudio etnológico del Perro Ratonero Valenciano (Gos Rater Valencià): resultados preliminares. *Arch. Zootec.* **1998**, *47*, 479-486. 659
39. Korta Sukia, G.; Monteagudo Ibáñez, L.V.; Tejedor Hernández, M.T. Caracterización y situación actual del Perro Pastor Vasco. Final Degree Project, University of Zaragoza, Zaragoza, Spain. 661
40. Gómez Fernández, M. Diferentes razas y agrupaciones raciales caninas vascas. *Naturzale* **1999**, *14*, 181-184. 663
41. Pedreros Castellanos, F.M.; Soler Morantes, P.C. Propuesta para la incorporación de pelaje de perro de raza samoyedo como insumo textil para la unidad productiva la espiga en Cucaita Boyacá. **2022**. 664
42. Silveira, C.; Capote, C.B.; Fernández, G. El perro Cimarrón, la raza canina autóctona del Uruguay. *Arch. Zootec.* **1998**, *47*, 533-536. 666
43. Martínez, R.; Jiménez, L.; Álvarez, J.; Rodríguez, Y.; Atehortua, M.; Camargo, J.; Leal, J.; Sánchez, C.; Mendoza, L. Caracterización Morfológica De La Raza Sabueso Fino. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal AICA* **2015**, *6*, 360-371. 668
44. Osorio Málaga, J.O.; Gálvez Ramírez, C. El viringo, el perro sin pelo del Perú. *Revista De Arquitectura UNIFÉ* **2015**, *2*, 57-82. 670
45. Asociación Canina de la Comunidad Autónoma de Murcia. Estudio Sobre El Ratonero Murciano. Murcia, Spain, 2015. 671
46. Duffy, D.L.; Hsu, Y.; Serpell, J.A. Breed differences in canine aggression. *Appl. Anim. Behav. Sci.* **2008**, *114*, 441-460. 672
47. Gagliardi, R. Análisis de genes relacionados con la farmacogenética en caninos de diferentes razas en Uruguay. Phd Thesis. Universidad de la República, Uruguay, 2014. 674
48. Franco, A. *Los schnauzer: cómo escoger el cachorro adecuado-comunicación educación y adiestramiento-alimentación-salud acicalamiento-reproducción*; Parkstone International: New York, USA, 2017. 675
49. Corteggiano, M.F. Examen ecografico de la articulacion femorotibiorrotuliana del perro. Degree Final Project, Universidad Nacional De Río Cuarto, Argentina, 2018. 677
50. Beuk, S.; Melero Soler, S.; Sastre Català, M. El secreto del pedigrí. Patologías asociadas a los perros de raza. Universitat Autònoma de Barcelona, Barcelona, Spain, 2013. 679
51. Cunliffe, J. *Bichon frisé*; Editorial Hispano Europea: L'hospitalet de Llobregat, Barcelona, Spain, 2000. 681
52. González, A.; Luque, M.; Herrera, M.; González, C.; Angón, E.; Rodero, E. Usefulness of discriminant analysis in the morphofunctional classification of Spanish dog breeds. *Arch. Anim. Breed.* **2014**, *57*, 2. 683
53. Orozco Cruz, R.E.; Ramírez Canseco, A.; Patiño Galvéz, N.I. Manual zootécnico del perro, Final Degree Project. University of Guadalajara, Las Agujas, Nextipac Jalisco, Mexico, 1998. 684
54. Fiala, I. Dog breeds: the canine version of a socially constructed race. *Humanities and Social Sciences Review*, **2013**, *2*, 137-144. 686

55. Schmutz, S.M.; Berryere, T.G.; Dreger, D.L. MITF and white spotting in dogs: a population study. *J. Hered.* **2009**, *100*, S66-S74. 687
688
56. Sponenberg, D.P. Genetics of coat colour and hair texture. *The genetics of the dog*, CABI Publishing: Wallingford, UK, 2001, 61-85.. 689
690
57. Barrios, N.; Fuenzalida, A.; Gómez, M.; Heuser, C.; Muñoz, R.; Ostrander, E.A.; Parker, H.G.; González-Lagos, C. The Patagonian Sheepdog: historical perspective on a herding dog in Chile. *Diversity* **2019**, *11*, 245. 691
692
58. Sechi, S.; Polli, M.; Marelli, S.; Talenti, A.; Crepaldi, P.; Fiore, F.; Spissu, N.; Dreger, D.L.; Zedda, M.; Dimauro, C. Fonní's dog: morphological and genetic characteristics for a breed standard definition. *Ital. J. Anim. Sci.* **2017**, *16*, 22-30.59. 693
694
59. Costa, G.; Estevez, J.; Gorozurreta, A. Estudios genéticos en la raza canina cimarrón uruguayo. Final Degree Project. Universidad de la República, Uruguay, 2007. 695
696
60. Urosevic, M.; Drobnjak, D.; Stojic, P.; Ograk, Y.Z. Morphometric characterization of the Akbaş (Akbash) Turkish shepherd dog. *Turk. J. Agric. Food Sci. Tech.* **2020**, *8*, 1571-1576. 697
698
61. Bettencourt, A. *Boston Terrier*; Editorial Hispano Europea: L'hospitalet de Llobregat, Barcelona, Spain, 2002. 699
62. O'Neill, D.G.; Yin, Y.; Tetras Pont, R.; Brodbelt, D.C.; Church, D.B.; Pegram, C.; Mustikka, M. Breed and conformational predispositions for prolapsed nictitating membrane gland (PNMG) in dogs in the UK: A VetCompass study. *Plos one* **2022**, *17*, e0260538. 700
701
702
63. Eisner, E. R. Vestibule deepening procedure for tight lip syndrome in the Chinese Shar-pei dog. *J. Vet. Dent.*, **2008**, *25*, 284-289. 703
704
64. Rodríguez, A.M.D. Recuperación Y Reconocimiento Formal De La Raza Canina Pastor Garafiano. *Rev. Est. Gen. Isla Palma* **2005**, 91-116. 705
706
65. Cadieu, E.; Neff, M.W.; Quignon, P.; Walsh, K.; Chase, K.; Parker, H.G.; VonHoldt, B.M.; Rhue, A.; Boyko, A.; Byers, A. Coat variation in the domestic dog is governed by variants in three genes. *Science* **2009**, *326*, 150-153. 707
708

Disclaimer/Publisher's Note: The statements, opinions and data contained in all publications are solely those of the individual author(s) and contributor(s) and not of MDPI and/or the editor(s). MDPI and/or the editor(s) disclaim responsibility for any injury to people or property resulting from any ideas, methods, instructions or products referred to in the content. 709
710
711

Precision Canine Phenomics: Leveraging Statistical Rigor with Spearman's Rank rho Correlations and Procrustes Residuals for Breed Standard Elements Selection

Alanzor Puente, J.M.¹; Pons Barro, Á.L.¹; González Ariza, A.²; Marín Navas, C.³; Iglesias Pastrana, C.³; Concepción Felipe, I.³; Delgado Bermejo, J.V.³ and Navas González, F.J.^{3,*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Conselleria d'Agricultura, Pesca i Alimentació, Majorca, Govern Illes Balears, 07009 Palma, Spain.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, Spain.

³ Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, 14071 Córdoba, Spain.

ADDITIONAL KEYWORDS

Precision.
Phenomic Landscape.
Phenotypic Traits.
Multifaceted Relationships.
Advanced Analytical Methodologies.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Precisión.
Paisaje Fenómico.
Rasgos Fenotípicos.
Relaciones Multifacéticas.
Metodologías Analíticas Avanzadas.

INFORMATION

Cronología del artículo.
Recibido/Received: 20.12.2022
Aceptado/Accepted: 16.06.2023
On-line: 15.10.2023
Correspondencia a los autores/Contact e-mail:
fjnavas@uco.es

SUMMARY

In this comprehensive exploration of precision in defining dog breed standards, the article employs advanced analytical tools—Spearman's correlations and Procrustes residuals—to assess relationships among zoometric, phaneroptical, and behavioral variables. Spearman's correlations quantify associations between traits, guiding the prioritization of elements for robust breed standards, while Procrustes residuals add a geometric dimension, unveiling subtle morphological deviations. The synergistic integration of statistical and geometric analyses marks a paradigm shift in breed standard selection, empowering stakeholders to navigate the complexity of variables. The systematic evaluation of various physical and temperamental traits in dogs ensures a holistic understanding, and the application of statistical measures in Balearic Island dog breeds identifies compulsory elements and reveals combinations indicating a lack of distinctive features. The findings offer valuable insights for breeders, enthusiasts, and judges, guiding them to adhere to recognized standards for preserving and promoting distinctive breed qualities.

Fenómica Canina de Precisión: Aprovechando el Rigor Estadístico con las Correlaciones de Spearman y los Residuos de Procrustes para la Selección de los Elementos de los Estándares de Razas

RESUMEN

En esta exhaustiva exploración de la precisión en la definición de los estándares de raza canina, el artículo emplea herramientas analíticas avanzadas, como las correlaciones de Spearman y los residuos de Procrustes, para evaluar las relaciones entre variables zoométricas, fanerópticas y de comportamiento. Las correlaciones de Spearman cuantifican las asociaciones entre rasgos, guiando la priorización de elementos para estándares de raza sólidos, mientras que los residuos de Procrustes añaden una dimensión geométrica, revelando sutiles desviaciones morfológicas. La integración sinérgica de análisis estadísticos y geométricos marca un cambio de paradigma en la selección de estándares de raza, capacitando a los interesados para navegar la complejidad de las variables. La evaluación sistemática de diversos rasgos físicos y temperamentales en perros asegura una comprensión holística, y la aplicación de medidas estadísticas en razas de perros de las Islas Baleares identifica elementos obligatorios y revela combinaciones que indican la falta de rasgos distintivos. Los hallazgos ofrecen valiosas perspectivas para criadores, entusiastas y jueces, guiándolos para adherirse a estándares reconocidos y preservar las cualidades distintivas de la raza.

INTRODUCTION

In the dynamic landscape of canine genomics and phenomics, the quest for precision in defining breed standards necessitates advanced analytical methodologies. This technical exploration focuses on the strategic application of Spearman's correlations and Procrustes residuals, delving into the intricate rela-

tionships spanning zoometric, phaneroptical, and behavioral variables. By unraveling these statistical and geometric intricacies, this article aims to provide breed enthusiasts, geneticists, and researchers with a comprehensive understanding of how these tools synergize to elevate the precision and sophistication of breed standard selection.

Spearman's correlations (Roy-García et al. 2019) offer a robust statistical framework for assessing the strength and directionality of relationships among zoometric dimensions, phenotypic features, and behavioral traits within a breed (Simonetti et al.). By subjecting data to rigorous correlation analyses, researchers can quantify the degree of association between variables. This quantitative approach not only identifies key relationships but also serves as a foundation for prioritizing traits in the construction of comprehensive breed standards.

Complementing Spearman's correlations, Procrustes analysis introduces a geometric dimension to the study of morphological traits (Dijksterhuis & Gower 1991). By superimposing morphological landmarks, Procrustes residuals unveil the subtle deviations between observed and predicted configurations. This geometric scrutiny, rooted in landmark-based morphometrics, provides a nuanced understanding of canine conformation and behavior. As a result, Procrustes residuals become instrumental in discerning intricate variations and guiding the selection of elements that contribute to the distinct identity of a breed.

The synergy between Spearman's correlations and Procrustes residuals marks a paradigm shift in breed standard selection. Through a harmonious integration of statistical and geometric analyses, breeders and researchers can navigate the complex web of variables that define a breed's identity. This holistic approach empowers stakeholders to make informed decisions, not only based on statistical significance but also on the geometric nuances that contribute to the overall phenotypic and behavioral landscape.

This article aims to serve as a comprehensive guide to the technical application of Spearman's correlations and Procrustes residuals in the pursuit of precision canine phenomics. By combining statistical rigor with geometric insights, breed standard selection evolves into a meticulous and sophisticated process, ensuring that each element contributes meaningfully to the tapestry of a breed's identity.

MATERIAL AND METHODS

BREED STANDARDS ELEMENTS

In the comprehensive evaluation of dogs, a systematic and logical approach is undertaken to assess a diverse range of physical and temperamental characteristics. This structured method ensures a thorough understanding of the dog's conformation, covering various aspects in a methodical order.

The assessment begins with the Recognition/Classification phase, considering factors such as breed official consideration, RSCE recognition, type officiality, and FCI breed type. This provides a foundation for understanding the dog's pedigree and classification within recognized standards.

Moving to the General Appearance, the evaluation encompasses sexual dimorphism, with a focus on whether it is present or not, and any specific dimorphism features that may be observed. This is followed

by a detailed exploration of temperament and behavior traits. Traits such as tranquility, courage, bravery, sociability, and others contribute to a holistic understanding of the dog's personality and disposition.

The assessment then delves into the Size and Weight considerations, differentiating between females and males. Parameters include height at withers and weight, providing insights into the dog's physical build and proportions.

The evaluation proceeds to the Head and related features, examining the structure, size, shape, length, proportions, muscle development, symmetry, and definition of muscle groups. This thorough examination extends to the Jaws and Lips, considering masseteric conformation, lip size, and color.

The Snout is then scrutinized for size, color, and width, offering insights into the dog's facial characteristics. The Eyes are evaluated for size, shape, color, sight/expression, separation, and position.

Moving on to the Ears, their shape, implantation, size, position, and the presence of folds are considered. The Neck is assessed for muscle development, thickness, insertion, profile, length, and the presence or absence of a dewlap.

The Thorax and Croup are evaluated for shape, muscle development, and other relevant features, followed by an examination of the Shoulders, Dorsal Line, and Fore Extremities. Parameters such as arm length, elbow position, carpus, metacarpus, finger arrangement, and others contribute to a comprehensive understanding of the forelimbs.

The evaluation extends to the Rear Extremities, considering muscle development, thigh and leg length, hock width, toe arrangement, and angles at different joints. The Tail is then examined for implantation, length, trace, birth, and section.

The assessment includes an evaluation of the Coat, encompassing hair texture, length, color, and various coat-related characteristics. Eliminary Faults are meticulously considered, covering a range of faults in different body regions, ensuring a critical examination of potential deviations from the standard.

The Minor Faults category addresses behavioral issues, tail irregularities, and missing premolars. Conversely, the Major Faults category highlights more severe deviations, including height at withers exceeding the croup, various mouth-related faults, bulldog-like tail, and coat irregularities.

The Use or purpose of the dog is also taken into account, providing context for the evaluation. Further scrutiny includes the Palate, Teeth, Eye Lids, Movements, and Skin, exploring various characteristics related to these features.

This structured and systematic approach ensures a comprehensive and nuanced assessment, covering every aspect of a dog's physical and temperamental traits while considering potential faults and deviations from the standard.

SPEARMAN'S RANK RHO CORRELATIONS AND PROCRUSTES RESIDUALS

XLSTAT Version 2014.5.03 was used to calculate Spearman's rank rho correlations and Procrustes residuals for studying canine traits comprising Balearic dog breeds standards. For Spearman's correlations, we ranked variables to understand their relationships, and XLSTAT generated results with correlation coefficients and p-values. When analyzing shape differences using Procrustes analysis, XLSTAT compared two sets of landmark data, helping determine shape variations between datasets by computing Procrustes residuals. XLSTAT Version 2014.5.03 proves invaluable in simplifying and enhancing the exploration of canine morphological, phenoptical and behavioral characteristics.

RESULTS

PROCRUSTES RESIDUALS

Table I reports average residuals derived from procrustes analysis per Breed standard Element and feature. Those elements for which a higher residual was reported are indicative of a lower consensus across breeds, hence could be appointed as distinctive elements whose consideration may be crucial for breed differentiation.

The breed standard analysis delves into a detailed examination of various elements and features that collectively shape the unique characteristics of a specific dog breed. The average residuals per breed standard element, highlighted in bold, provide insights into the relative importance of individual traits within the breed standard.

BELLY (AVERAGE RESIDUAL: 0.193)

Traits related to the belly, including trace and body proportionality, have a moderate impact on the breed standard.

WHITHERS HEIGHT/CROUP HEIGHT (AVERAGE RESIDUAL: 0.231)

Achieving the right balance between withers height and croup height is crucial, with a moderately influential impact on the breed standard.

WHITHERS PROMINENCY (AVERAGE RESIDUAL: 1.197)

The prominence of the withers stands out with a higher residual, indicating its significant role in defining the breed's appearance.

CHEST (AVERAGE RESIDUAL: 3.383)

The chest, encompassing depth, length, and muscle development, holds substantial importance in the breed standard.

COAT (AVERAGE RESIDUAL: 1.756)

Various aspects of the coat, including color, length, and texture, contribute to the breed's standard with an

average residual.

CRANIAL REGION (AVERAGE RESIDUAL: 2.748)

Traits related to the cranial region, such as alignment of cranial and facial axes, approximate proportions, and forehead shape, collectively contribute moderately to the breed standard.

EARS (AVERAGE RESIDUAL: 3.323)

Ears, including fold presence, implantation, position, and shape, exhibit a higher residual, emphasizing their considerable influence.

ELIMINATORY FAULTS (AVERAGE RESIDUAL: 1.338)

Traits leading to eliminatory faults, encompassing various aspects from behavior to specific body parts, suggest a moderate impact on the breed standard.

EYES (AVERAGE RESIDUAL: 2.820)

Eyes, with characteristics like color, position, separation, and shape, show a substantial residual, highlighting their considerable influence.

FORE EXTREMITIES (AVERAGE RESIDUAL: 1.074)

Traits related to fore extremities, including arm, carpus and metacarpus, elbow, fingers, and scapulo-humeral angle, contribute to a moderately influential element.

GENERAL APPEARANCE (AVERAGE RESIDUAL: 0.765)

The general appearance, covering sexual dimorphism, temperament/behavior, and overall head structure, has a moderate residual, suggesting its importance.

JAWS (AVERAGE RESIDUAL: 2.483)

Jaws, including masseteric conformation, lips color, and size, contribute significantly to the breed standard, with a higher average residual.

LOIN (AVERAGE RESIDUAL: 3.500)

The loin, with traits related to width, exhibits a substantial residual, emphasizing its impact on the breed's overall body structure.

MAJOR FAULTS (AVERAGE RESIDUAL: 1.303)

Traits leading to major faults, covering various aspects from behavior to specific body parts, suggest a moderate impact on the breed standard.

MOVEMENTS (AVERAGE RESIDUAL: 2.491)

Traits related to movements, including type and overall movement characteristics, exhibit a considerable impact on the breed standard.

NECK (AVERAGE RESIDUAL: 2.583)

The neck, with traits like dewlap, insertion, length, muscle development, profile, and thickness, collectively contributes to a moderately influential element.

RECOGNITION/CLASSIFICATION (AVERAGE RESIDUAL: 2.284)

Recognition and classification criteria, including breed official consideration and type officiality, exhibit a moderate residual, highlighting their significance.

SHOULDERS (AVERAGE RESIDUAL: 2.076)

Shoulders, with traits related to length and shape, contribute to a moderately influential element.

SKIN (AVERAGE RESIDUAL: 2.433)

Skin traits, including folds present and overall thickness, collectively exhibit a moderate impact on the breed standard.

SNOUT (AVERAGE RESIDUAL: 1.125)

Traits related to the snout, including snout color,

size, and width, contribute moderately to the breed's overall appearance.

TAIL (AVERAGE RESIDUAL: 1.145)

The tail, with traits related to implantation, length, section, and trace, collectively exhibits a moderate impact on the breed standard.

TEETH (AVERAGE RESIDUAL: 2.182)

Traits related to teeth, including bite type, exhibit a moderate impact on the breed standard.

THORAX (AVERAGE RESIDUAL: 3.490)

Thorax traits, including overall shape and function, exhibit a substantial impact on the breed's body structure.

USE (AVERAGE RESIDUAL: 1.957)

Traits related to the dog's use or function exhibit a moderate impact on the breed standard.

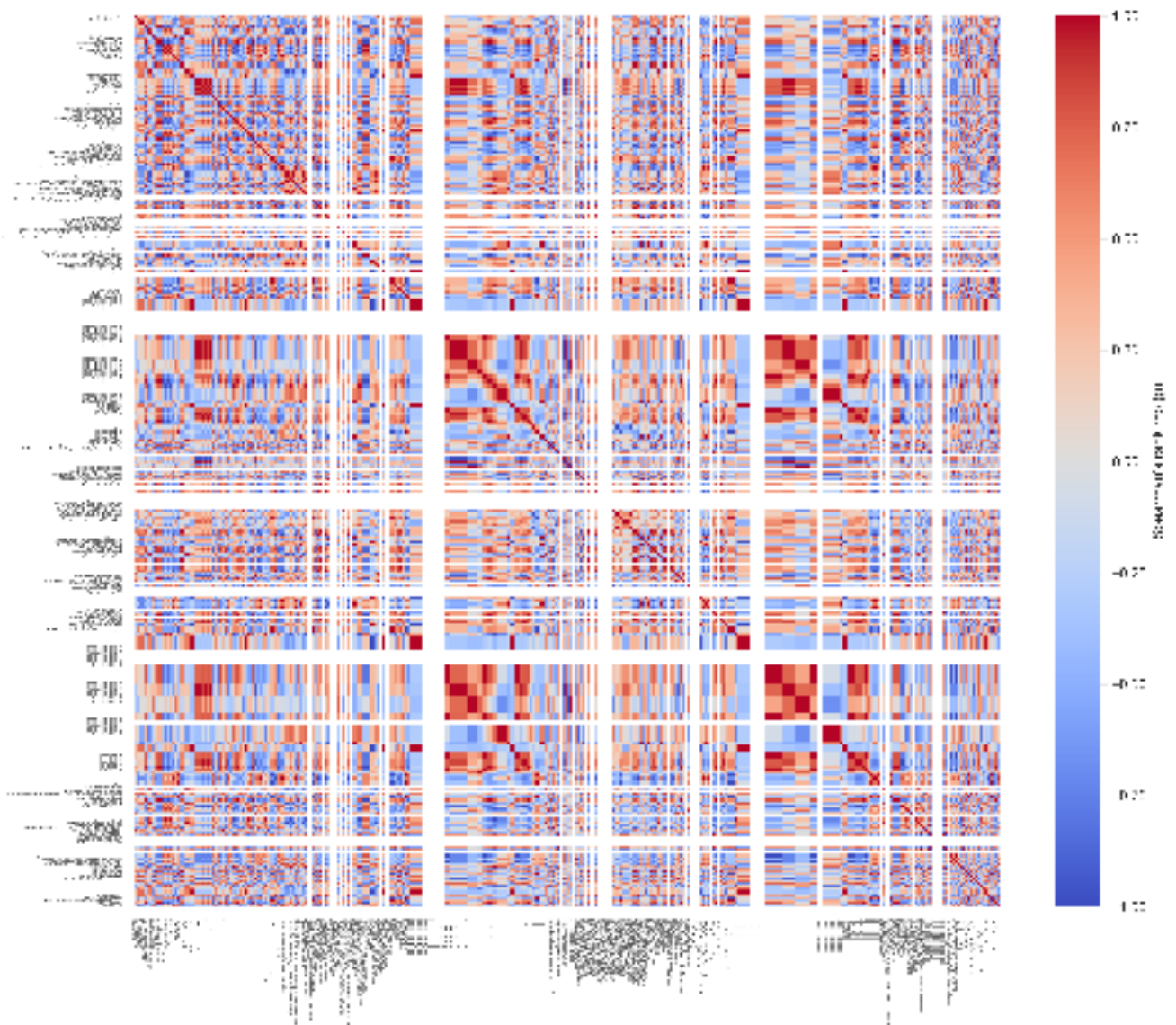


Figure 1. Spearman's Rank rho correlations across Breed Standard Elements and Features.

Table I. Average Residuals for Breed Standard Elements and Features.

Breed Standard Element and Features	Average Residual per Breed Standard Element (in bold)/Partial Residuals per Feature
Belly	0.193
Trace	0.193
Body	0.834
Proporcionality	0.227
Whithers Height/Croup Height	0.231
Whithers Prominency	1.197
Whithers Skin	3.515
Whithers Width	0.215
Chest	3.383
Depth	2.362
Length	5.097
Muscle Development	3.515
Sternon	2.425
Width	3.515
Coat	1.756
Hair Colour	1.506
Hair Length	2.425
Hair Texture	5.096
Craneal Region	2.748
Alignment of Cranial and Facial Axes	1.715
Approximate Proportions	2.963
Forehead Shape and Width	2.215
Frontal Groove	0.968
Frontonasal Depression	3.405
Occipital Crest	4.482
Width and Length	3.279
Croup	2.206
Muscle Development	0.900
Shape	3.512
Dorsal Line	1.316
Length	2.426
Muscle Development	0.218
Profile	1.303
Ears	3.323
Fold Presence	3.451
Implantation	3.512
Position	3.341
Shape	4.524
Size	1.785
Eliminatory Faults	1.338
Back	0.968
Behaviour	1.481
Belly	1.862
Chest	2.169
Coat and Phaneroptics	2.201
Croup	3.511

Fore extremities	0.839
Head	1.318
Heigth at Withers	0.054
Mouth	0.329
Neck	0.678
Proportions	1.266
Rear extremities	1.009
Reproductive Tract	0.054
Tail	1.516
Weight	0.054
Eye Lids	1.863
Conformation	1.863
Eyes	2.820
Colour	2.900
Position	5.747
Separation	2.482
Shape	1.604
Sight	2.149
Size	2.038
Female Size	1.007
Heigth at Withers	0.785
Weight	1.640
Fore Extremities	1.074
Arm	0.139
Carpus and Metacarpus	1.779
Elbow	1.780
Fingers	1.892
Humeroradial Angle	0.063
Interdigital Membrane	1.775
Scapulohumeral Angle	1.146
General Appearance	0.765
Sexual Dimorphism	0.648
Temperament/Behaviour	0.774
Head	1.981
Definition of Muscle Groups	2.890
Length	0.213
Muscle Develpment	2.367
Proportions	0.659
Shape	3.009
Size	3.899
Structure	2.367
Symmetry	0.054
Jaws	2.483
Masseteric Conformation	2.483
Lips	0.920
Colour	1.781
Size	0.059
Loin	3.500

Width	3.500
Major Faults	1.303
Belly	0.155
Coat and Phaneroptics	2.494
Fore extremities	0.155
Head	1.924
Mouth	0.939
Rear extremities	1.866
Size/Proportions	0.059
Tail	0.054
Teeth	0.054
Thorax	2.917
Male Size	1.151
Heigth at Withers	0.764
Weight	2.234
Minor Faults	0.107
Behaviour	0.054
Tail	0.212
Teeth	0.054
Mouth	0.715
Profile	0.715
Movements	2.491
Type	2.491
Neck	2.583
Dewlap	1.783
Insertion	0.260
Length	2.308
Muscle Development	3.492
Profile	4.163
Thickness	3.492
Palate	0.184
Colour	0.184
Rear Extremities	1.144
Coxofemoral Angle	1.427
Femorotibial Angle	0.054
Hock Width	2.450
Leg Length	0.212
Muscular Development	0.054
Thig Length	2.432
Tibiotarsianus Angle	1.427
Toes	1.643
Recognition/Classification	2.284
Recognition/Classification	2.284
Shoulders	2.076
Length	2.450
Shape	1.702
Skin	2.433
Folds Present	2.493

Thickness	2.373
Snout	1.125
Snout Colour	1.780
Snout Size	0.797
Snout Width	0.797
Tail	1.145
Birth	0.222
Implantation	1.736
Length	1.221
Section	2.492
Trace	0.056
Teeth	2.182
Bite Type	2.182
Thorax	3.490
Shape	3.490
Use	1.957
Function	1.957

In conclusion, this exhaustive analysis provides a holistic view of the specific dog breed, offering valuable insights into the breed's physical and behavioral characteristics. Breeders, enthusiasts, and judges can utilize this information to better understand and adhere to recognized standards, ultimately ensuring the preservation and promotion of the breed's distinctive qualities in line with established norms.

SPEARMAN'S RANK RHO CORRELATIONS

Figure 1 shows a heatmap reporting correlations across all elements in a breed standard and features. As suggested by the scale, the more intense the red colour is the larger positive correlations between element pairs is as well. On the contrary the more intense the blue colour is the larger the negative correlations across elements and features is as well.

DISCUSSION

In the context of Balearic Island dog breeds, the application of statistical measures like Spearman's correlations and Procrustes residuals becomes especially pertinent for the formulation and refinement of breed standards. The Balearic Islands, known for their rich cultural and historical diversity, host several indigenous dog breeds (Anguera Sansó 2003), each with unique characteristics that contribute to their distinct identity.

SPEARMAN'S CORRELATIONS

IDENTIFICATION OF COMPULSORY ELEMENTS

For Balearic Island dog breeds, Spearman's correlations (Spearman 2010) can help identify elements that tend to co-occur and are crucial for defining breed characteristics. For instance, a positive correlation (Martínez Ortega et al. 2009) between "Coat Colour" (Álvarez et al. 2015) and "Tail Type" (Olivares 1995) might indicate that specific color patterns

are associated with particular tail configurations in a breed, emphasizing the importance of considering these elements together in the breed standard.

Conversely, a negative correlation (Ortega et al. 2009) between certain traits could suggest that they are mutually exclusive or have an antagonistic relationship. Addressing such relationships is essential for crafting a breed standard that accurately reflects the unique features of Balearic Island dogs.

PROCRUSTES RESIDUALS

IDENTIFICATION OF COMPULSORY ELEMENTS

Low Procrustes residuals between elements reveal a high degree of agreement in their configurations (Bermúdez 2009). In the context of Balearic Island breeds, this could mean that certain features, such as "Ear Shape" (Silveira, Capote & Fernández 1998) and "Body Proportions," (Rudd Garcés) exhibit consistent relationships that contribute significantly to the overall breed standard. Deviations from these expected configurations might impact the distinctive appearance of the breed.

High Procrustes residuals (Rico Bermúdez 2009), however, highlight elements that do not conform well to the overall breed configuration. For example, if there are discrepancies between the observed and predicted shapes of "Tail Section" (G Costa 2007) and "Body Structure," (Castro et al. 2000), it becomes imperative to address these aspects to ensure a more accurate representation of the breed's distinctiveness.

COMBINATIONS INDICATING LACK OF DISTINCTIVE FEATURES

LOW PROCRUSTES RESIDUALS ACROSS BREEDS

If certain elements consistently exhibit low Procrustes residuals (Gower 1975) across various Balearic Island dog breeds, it may suggest that these features are not unique to a particular breed. For

example, if “Coat Texture” (Pedreros Castellanos & Soler Morantes) shows low residuals across multiple breeds, it implies that this feature might be a common trait shared among them.

LOW SPEARMAN'S RANK RHO CORRELATIONS

Low correlations (Schober, Boer & Schwarte 2018) among unique features across breeds could indicate that these elements are not crucial in distinguishing one Balearic Island breed from another. Breed standards should prioritize elements with strong correlations that contribute to the uniqueness of each breed within the Balearic Islands.

In summary, the application of statistical measures in the context of Balearic Island dog breeds offers a systematic approach to shaping and refining breed standards. By identifying interdependencies, evaluating configurations, and pinpointing distinctive features, these statistical tools enable breeders and standardization organizations to craft precise and culturally relevant standards that capture the essence of each unique Balearic Island dog breed. This ensures that breed standards not only reflect the historical and cultural context of the islands but also contribute to the preservation and recognition of these indigenous breeds.

CONCLUSIONS

In conclusion, this detailed analysis of breed standard elements and features, along with their respective residuals, provides valuable insights into the relative importance of various traits in defining the overall standard of the specific dog breed under consideration. Breeders, enthusiasts, and judges can use this information to prioritize key characteristics and ensure the preservation of the breed's unique qualities.

ACKNOWLEDGMENTS

The authors express sincere gratitude to the Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí, and Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya for their invaluable support and collaboration in making public essential insights and data that were eventually used for this study. The commitment and dedication of these organizations to the preservation and promotion of canine breeds in the Balearic Islands have significantly enriched the research, enabling their comprehensive understanding and permitting the evaluation of the genetic dynamics and evolutionary patterns of the breeds and breed groups present in the archipelago. Their expertise and contributions have been instrumental in advancing our knowledge of the breed populations, reflecting their deep commitment to the conservation and welfare of these unique canine breeds.

FUNDINGS

The present research was carried out during the covering period of a Ramón y Cajal Post-Doctoral Contract with the reference MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union “NextGenerationEU”/PRTR.

BIBLIOGRAPHY

- Álvarez, J, Jiménez, L, Martínez, R, Rodríguez, Y, Mendoza, L, Leal, J, Atehortua, M, Camargo, J & Sánchez, C 2015, 'Comparación De Características Fanerópticas Entre Cuatro Razas De Sabuesos Y El Sabueso Fino Colombiano', *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal AICA*, vol. 6, pp. 372-80.
- Anguera Sansó, B 2003, *Races Autòctones de les Illes Balears*.
- Bermúdez, JR 2009, 'Un nuevo estimador muestral de regresión vía residuos ortogonales derivados del análisis de componentes principales', *Comunicaciones en Estadística*, vol. 2, no. 1, pp. 103-14.
- Castro, R, Barba, C, García, M, González, M & Camacho, M 2000, 'Contribución a la caracterización etno-genética de una agrupación racial canina andaluza', *Archivos de zootecnia*, vol. 49, no. 186, pp. 253-7.
- Dijksterhuis, GB & Gower, JC 1991, 'The interpretation of generalized procrustes analysis and allied methods', *Food quality and preference*, vol. 3, no. 2, pp. 67-87.
- G Costa, JE, A Gorozurreta 2007, 'Estudios genéticos en la raza canina cimarrón uruguayo'.
- Gower, JC 1975, 'Generalized procrustes analysis', *Psychometrika*, vol. 40, pp. 33-51.
- Martínez Ortega, RM, Tuya Pendás, LC, Martínez Ortega, M, Pérez Abreu, A & Cánovas, AM 2009, 'El coeficiente de correlación de los rangos de Spearman caracterización', *Revista Habanera de Ciencias Médicas*, vol. 8, no. 2, pp. 0-.
- Olivares, EM 1995, 'Razas de perros: sus características y aptitudes', *TecnoVet*, vol. 1, no. 3.
- Ortega, RMM, Pendás, LCT, Ortega, MM, Abreu, AP & Cánovas, AM 2009, 'El coeficiente de correlación de los rangos de spearman caracterización', *Revista Habanera de Ciencias Médicas*, vol. 8, no. 2.
- Pedreros Castellanos, FM & Soler Morantes, PC 2022, 'Propuesta para la incorporación de pelaje de perro de raza samoyedo como insumo textil para la unidad productiva la espiga en Cucaita Boyacá'.
- Rico Bermúdez, J 2009, 'Un nuevo estimador muestral de regresión vía residuos ortogonales derivados del análisis de componentes principales'.
- Roy-García, I, Rivas-Ruiz, R, Pérez-Rodríguez, M & Palacios-Cruz, L 2019, 'Correlación: no toda correlación implica causalidad', *Revista Alergia México*, vol. 66, no. 3, pp. 354-60.
- Rudd Garcés, G 2022, 'Análisis genético de enfermedades osteoarticulares en animales de compañía', Universidad Nacional de La Plata.
- Schober, P, Boer, C & Schwarte, LA 2018, 'Correlation coefficients: appropriate use and interpretation', *Anesthesia & analgesia*, vol. 126, no. 5, pp. 1763-8.
- Silveira, C, Capote, CB & Fernández, G 1998, 'El perro Cimarrón, la raza canina autóctona del Uruguay', *Archivos de zootecnia*, vol. 47, no. 178, pp. 533-6.
- Simonetti, L, Lynch, G, Pucheta, M & Ghibaudi, M 'Relaciones entre Variables del Comportamiento Sexual en Ovejas Frisona Servidas a Corral', *II Jornada de pequeños rumiantes y camélidos sudamericanos*, p. 54.
- Spearman, C 2010, 'The proof and measurement of association between two things', *International journal of epidemiology*, vol. 39, no. 5, pp. 1137-50.



Article

Integrated Discriminant Evaluation of Molecular Genetic Markers and Genetic Diversity Parameters of Endangered Balearic Dog Breeds

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza², María del Amparo Martínez Martínez³, Juan Vicente Delgado Bermejo ³ and Francisco Javier Navas González ^{3,*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Conselleria d'Agricultura, Pesca i Alimentació, Majorca, Govern Illes Balears, 07009 Palma, Spain; jalandor@irfap.es (J.M.A.P.); apons@irfap.es (Á.L.P.B.)

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, Spain; an-goarvet@outlook.es (A.G.A.)

³ Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, 14071 Córdoba, Spain; juanvi-agr218@gmail.com (J.V.D.B.); fjng87@hotmail.com; (F.J.N.G.)

* Correspondence: fjng87@hotmail.com ; Tel.: +34-651-679-262

Abstract: The aim of this paper is to analyze genetic diversity within Balearic dog breeds, with a specific focus on key markers and their intricate relationships. The intricate relationships between key markers across autochthonous dog breeds and genetic diversity parameters are evaluated. Conflicts emerge, particularly between parameters such as Polymorphic Information Content (PIC) and Expected Heterozygosity (He), both crucial for conveying polymorphism information. PIC, essential for paternity calculations, outshines He in scenarios involving shared parental alleles, offering nuanced insights into genetic diversity. Convergence of markers, such as Observed Heterozygosity (Ho) and Expected Heterozygosity (He), underscores their shared information, providing insights into population dynamics. The effective number of alleles (Ae) and He emerge as interconnected indicators of genetic diversity, shedding light on a population's adaptability and persistence. The intricate relationship between the Inbreeding Coefficient (FIS) and deviations from Hardy-Weinberg Equilibrium elucidates the impact of inbreeding on observed and expected heterozygosity, with implications for marker-based genetic programs. These findings have broad implications for marker-based conservation strategies, providing valuable insights into the evolutionary potential and adaptability of populations. The comprehensive marker analysis facilitates informed decision-making in genetic programs and evaluations, paving the way for improved breeding strategies and conservation initiatives in dog breeds.

Keywords: Genetic diversity; microsatellite markers; Polymorphic Information Content (PIC); heterozygosity; conservation strategies

Citation: To be added by editorial staff during production.

Academic Editor: Firstname Last-name

Received: date

Revised: date

Accepted: date

Published: date



Copyright: © 2023 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

1. Introduction

In the realm of *Canis lupus familiaris*, the Balearic Islands stand out as a haven of extraordinary genetic diversity. Nestled in the heart of the Mediterranean, these islands have nurtured a variety of native dog breeds intricately woven into the fabric of local communities. Beyond mere companionship, these dogs are deeply ingrained in the cultural and historical tapestry of the region, symbolizing the enduring bond between humans and their loyal four-legged friends. Presently, the Balearic Islands officially recognize five dog breeds, namely the Ca de Bestiar (CB), Ca de Bou (CBOU), Podenco Ibicenco (PI), Ca Rater mallorquín (CR), and Ca Mè (CM). Additionally, there's recognition of a canine racial grouping known as the Ca de Conills de Menorca (CC). This rich array of

canine breeds constitutes a significant part of the Balearic genetic heritage, representing 20% of Spain's overall canine heritage according to Navas [1]. International organizations, including the Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), stress the importance of understanding genetic diversity within and among breeds, as illustrated by Martínez, Vega et al. [2] in their study using microsatellites in two autochthonous breeds of Mallorca.

In the context of relentless flow and innovation, the genetic endowment of these native breeds faces a critical juncture. While modernity brings manifold benefits, it also poses an unparalleled challenge to the genetic fidelity of these autochthonous reservoirs. In this article, we embark on an expedition into the molecular genetic characterization of Balearic dog breeds. Numerous studies on genetic diversity have been conducted nationally and internationally using microsatellites [3]. Currently, the officially recognized dog breeds and racial grouping have undergone genetic characterization studies and genetic relationship analyses with other Spanish dog breeds, employing molecular markers, specifically DNA microsatellites. The DNA microsatellites used adhere to the recommendations of the International Society of Animal Genetics (ISAG) for canine genetic diversity analysis and parentage testing. This includes a main panel with 21 markers and an additional panel of 12 markers, as indicated by Aguilera, Canales et al. [4]. These 33 microsatellites meet the requirements set by the FAO for such panels.

Our journey transcends the mere revelation of genetic mysteries; it extends to an expansive discourse on the indispensable importance of paternity testing. This discourse encapsulates the fundamental role that paternity tests play in conserving the genetic integrity and vitality of these native canids. As we navigate the intricate labyrinth of Balearic canine genetics, our journey is not merely a witness to the vestiges of the past; it illuminates a path to the future. Microsatellite paternity tests are already a reality in Balearic dog breeds because of the conducted genetic characterization studies. In cases where genealogy cannot be verified due to various circumstances, as suggested by Martínez, Vega et al. [2], assigning the animal to the breed in question is indicated. If the genetic profile of the animal aligns with the breed's profile, it can be considered a purebred animal and may be registered in the StudBook without causing any genetic deterioration of the breed. This is based on the approach described by Davies, Villablanca et al. [5], where DNA genetic markers provide the opportunity to use individual genotypes to determine the population of origin for individuals. Therefore, breed assignment is a method to consider in conservation programs for highly threatened breeds when registering animals with unverifiable genealogy.

The Balearic archipelago serves as empirical evidence of the evolutionary dynamics of canine companions, selectively refined for a spectrum of specialized functions, including expert hunting, vigilant surveillance, competent herding, and meticulous shepherding. However, their utility extends beyond innate functional traits to encompass resilience to regional adversities, including the scorching crucible of heat stress and the insidious spectrum of endemic diseases such as leishmaniasis. These functional attributes, behavioral tendencies, and resistance mechanisms are indelibly etched into the core of these breeds. This is evident in the case of the Podenco Ibicenco (PI), regarding its resistance to leishmaniasis, as described by Solano-Gallego, Llull et al. [6], where the PI consistently responds positively to a delayed-type hypersensitivity (DTH) test. Consequently, we consider the PI to be more resistant to leishmaniasis than other dog breeds.

In the contemporary era, modern genetic tools, including microsatellites and single nucleotide polymorphisms (SNPs), provide a profound insight into the genetic code that underlies the innate attributes of these remarkable canines. These molecular markers unveil the mysteries underlying their exceptional work abilities, intrinsic behavioral predispositions, and even their resilience to environmental demands and health. These markers are DNA sequences with at least two detectable allelic variants, and they can identify the alleles contributed by the father and mother. They can also be useful in selecting breeders

in cases where direct relationships between functionality or behavior traits and specific allelic variants have been established.

In the following exposition, we embark on a mission that seeks to bridge the gap between the past and the future, tradition and innovation. We emphasize the urgent need not only to understand but to safeguard and value the genetic heritage of Balearic dog breeds in a world of constant change. As fellow travelers on this extraordinary journey, we celebrate the exceptional functional traits that these canines exemplify. Simultaneously, we underscore the crucial role of paternity tests in the noble endeavor of safeguarding the precious autochthonous breeds of the Balearic Islands. We invite you to join us on this extraordinary journey into the intricate domain of canine genetics, where homage to their heritage harmonizes with guidance for their future.

The aim of this study was to delve into the genetic landscape of the Balearic dog breeds, specifically focusing on the five officially recognized breeds (Ca de Bestiar, Ca de Bou, Podenco Ibicenco, Ca Rater mallorquí, and Ca Mè) and the recognized racial grouping (Ca de Conills de Menorca). The primary objective was to conduct a comprehensive genetic characterization using microsatellite markers, recommended by the International Society of Animal Genetics, to assess the diversity within each breed and explore their genetic relationships with the rest of Balearic canine breeds. Furthermore, the study aimed to investigate the applicability of microsatellite-based paternity testing as a tool for breed registration in cases where genealogy verification faced challenges. By unraveling the genetic intricacies of these autochthonous breeds, the study sought to contribute valuable insights into the conservation and management of their unique genetic heritage in the face of contemporary challenges and changing landscapes.

2. Results

2.1. Intra-racial Genetic Diversity

2.1.1. Ca de Bestiar (CB)

The 21 microsatellites used were found to be polymorphic, with a minimum of 4 alleles in the microsatellites INRA21 and REN247M23, and a maximum of 11 alleles for the marker ATH137, obtaining an average value of 7.05 alleles. The highest expected heterozygosity is found for the marker AHTH130 with a value of 0.855, and the lowest for FH2848 with a value of 0.559. Observed heterozygosity values range from a maximum of 0.915 for the marker REN64E19 to a minimum of 0.563 for REN162C04. The average values of H_e and H_o are 0.728 and 0.743, respectively. Regarding the Polymorphic Information Content (PIC), all markers are highly informative except for REN247M23, which has a PIC value of 0.481, indicating moderate informativeness. Five markers deviate significantly from Hardy-Weinberg equilibrium. The intraracial genetic differentiation coefficient (FIS) shows that 5 markers (ATH137, ATHh260, AHTK211, REN169D01, and REN169O18) detect a significant deficit of homozygotes in the population, and one (REN169O18) detects a significant excess of homozygotes. The average FIS value for the population is 0.021, not significantly different from 0, indicating no significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium. CB exhibits high intra-racial genetic diversity, similar to other Spanish native dog breeds [7].

2.1.2. Ca de Bou (CBOU)

The 21 microsatellites used were found to be polymorphic, with an average of 5.05 alleles. The highest expected heterozygosity is found for the marker CXX279 with a value of 0.797, and the lowest for REN162C04 with a value of 0.091. Observed heterozygosity (H_o) values range from a maximum of 0.810 for the marker FH2054 to a minimum of 0.0094 for REN162C04. The average values of H_e and H_o are 0.624 and 0.582, respectively. Regarding PIC values, all markers are highly informative, except for the alleles AHTH253, INU030, REN247M23, and REN54P11, which are moderately informative, and REN162C04, which is not informative for detecting genetic variability (PIC below 0.25).

The intraracial genetic differentiation coefficient (F_{IS}) ranges from 0.00128 to 0.03797, with an average population F_{IS} of 0.081. CBOU exhibits low intra-racial genetic diversity.

2.1.3. Podenco Ibicenco or Ibicean Hound (PI)

The 21 microsatellites used were found to be polymorphic, with an average of 5.75 alleles. The highest expected heterozygosity is found for the marker AHTh260 with a value of 0.829, and the lowest for FH2848 with a value of 0.348. Observed heterozygosity values range from a maximum of 0.864 for the marker AHTh260 to a minimum of 0.177 for FH2848. The average values of H_e and H_o are 0.690 and 0.678, respectively. Regarding PIC values, all markers are highly informative, except for the alleles FH2848 and REN54P11, which are moderately informative. The average intraracial genetic differentiation coefficient (F_{IS}) for the population is 0.200. PI exhibits moderate intra-racial genetic diversity.

2.1.4. Ca Rater (CR)

The 33 markers were found to be polymorphic, with a minimum of 2 alleles in the markers 0959RD and 1055RD and a maximum of 15 alleles in the marker REN169O18, obtaining an average of 6.61 alleles and a mean effective number of alleles of 3.58. The highest expected heterozygosity is found for the marker 0669RD with a value of 0.866, and the lowest for 1055RD with a value of 0.255. Observed heterozygosity values range from a maximum of 0.964 for the marker 0669RD to a minimum of 0.161 for 0959RD. The average values of H_e and H_o are 0.685 and 0.656, respectively. Regarding PIC values, all markers are highly informative, except for INU055 with a value of 0.4611, which is moderately informative. Four markers deviate significantly from Hardy-Weinberg equilibrium. The intraracial genetic differentiation coefficient (F_{IS}) shows that the marker 0669RD detects a significant deficit of homozygotes in the population, and three (REN169D0, 0959RD, and 0914RD) detect a significant excess of homozygotes. The average F_{IS} value for the population is 0.044, not significantly different from 0, indicating no significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium. CR exhibits moderate intra-racial genetic diversity.

2.1.5. Ca Mè (CM)

The 21 microsatellites used were found to be polymorphic, with a minimum of 4 alleles in the microsatellites INU005, INU030, and REN169O18 and a maximum of 11 alleles for the marker ATH171, obtaining an average of 6.5 alleles and a mean effective number of alleles of 3.54. The highest expected heterozygosity is found for the marker AHTh171 with a value of 0.859, and the lowest for INU030 with a value of 0.428. Observed heterozygosity values range from a maximum of 0.824 for the marker AHTh260 to a minimum of 0.372 for INU005. The average values of H_e and H_o are 0.697 and 0.671, respectively. Regarding PIC values, all markers are highly informative, except for the markers INU005 and INU030 with values of 0.491 and 0.372, respectively, which are moderately informative. After Bonferroni correction, no marker is out of Hardy-Weinberg equilibrium. The intraracial genetic differentiation coefficient (F_{IS}) shows that the marker ATHh260 detects a significant deficit of homozygotes in the population, and INU005 detects a significant excess of homozygotes. The average F_{IS} value for the population is 0.038, not significantly different from 0, indicating no significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium. CM exhibits moderate intra-racial genetic diversity.

2.1.6. Ca de Conills (CC)

The 21 microsatellites used were found to be polymorphic, with a minimum of 4 alleles in the microsatellites INRA21 and INU005 and a maximum of 10 alleles for the marker ATH121, obtaining an average of 6.60 alleles. The highest expected heterozygosity

is found for the marker AHT121 with a value of 0.857, and the lowest for REN247M23 with a value of 0.477. Observed heterozygosity values range from a maximum of 0.806 for the markers REN169D01 and REN169O18 to a minimum of 0.415 for REN247M23. The average values of H_e and H_o are 0.724 and 0.689, respectively. Regarding PIC values, all markers are highly informative, except for REN247M23 with a value of 0.448, which is moderately informative. Ten markers deviate significantly from Hardy-Weinberg equilibrium. The intraracial genetic differentiation coefficient (FIS) shows that 4 markers (ATHh130, ATHh171, ATHk211, and ATH121) detect a significant excess of homozygotes. The average FIS value for the population is 0.048, not significantly different from 0, indicating no significant deviation from Hardy-Weinberg equilibrium. CC exhibits moderate intra-racial genetic diversity.

2.2. Inter-racial Genetic Diversity

The Wright's F statistics values between the 6 studied dog breeds are $F_{IS}=0.021$ (0.019-0.050), $F_{IT}=0.149$ (0.157-0.191), and $F_{ST}=0.131$ (0.130-0.160). The F_{ST} value indicates that approximately 13% of the total genetic variation is due to differences between dog breeds, and the remaining 87% corresponds to differences between individuals. Using Correspondence Factor Analysis to investigate genetic differentiation between individuals of each Balearic population shows a clear separation between individuals of CB, CBOU, CR, and CM, compared to PI and CC, which form a single group in all considered axes. The sum of the first three axes explains 72.03% of the total genetic differentiation. Regarding Reynolds distances, three groups are distinguished, each with two breeds. There is a well-differentiated group with PI and CC, with a Bootstrap value of 98%. There is greater proximity between CB and CBOU, on the one hand, and between CM and CR, on the other. Concerning the results of the STRUCTURE program, the graphical results of individual assignment (q) for the optimal K according to the Evanno method are shown. When $K=6$, each breed forms a single cluster. No subdivisions or crossbreeding are observed in any of the breeds, although some isolated animals with signs of crossbreeding can be observed.

The parameters of genetic diversity for all breeds show that CB presented the highest mean number of alleles with 7.05, and CBOU had the lowest with 5.05. Regarding heterozygosity, both observed (H_o) and expected (H_e), CB had the highest values with 0.743 and 0.728, respectively, while CBOU had the lowest values with 0.582 and 0.624, respectively.

2.2. Critical Factors in the Molecular Differentiation of Endangered Dog Breeds

2.2.1. Canonical Discriminant Analysis

2.2.1.1. Multicollinearity Evaluation

In evaluating the reliability of the canonical discriminant analysis model, a thorough examination of multicollinearity was conducted (see Table S1). The statistical assessment involved tolerance and variance inflation factor (VIF) values for various factors influencing the analysis.

In the first round, variables such as PIC, H_e , and H_o exhibited remarkably low tolerance values (0.004, 0.005, and 0.046, respectively), signaling a susceptibility to collinearity issues. The high VIF values for markers like PIC (262.024) and H_e (196.114) further indicated a substantial level of multicollinearity, potentially complicating the interpretation of their individual contributions.

The second round results reinforced the vulnerability to collinearity issues, with low tolerance values observed for H_o (0.036), H_e (0.056), and A_e (0.079). Corresponding high VIF values (27.541, 17.899, and 12.653) suggested substantial multicollinearity. Notably, microsatellite markers such as INU030, CXX279, REN162C04, AHT130, AHT171, and

others displayed varying levels of tolerance and VIF, underscoring the complexity of their relationships within the genetic framework.

Moving to the third round, moderate tolerance (0.088 to 0.123) and relatively high VIFs (8.102 to 11.329) were observed for markers Ae, He, FIS Upper IC, and HWEd-NS, indicating potential collinearity issues. Microsatellite markers, including AHT137, INU030, REN247M23, REN162C04, AHTh260, and others, demonstrated diverse levels of tolerance and VIF, highlighting their complex interactions. FIS and Allele Number exhibited moderate tolerance (0.226 and 0.227) and VIF (4.419 and 4.413), suggesting their potential role in explaining genetic variation.

The fourth round provided further insights, revealing a balance between tolerance and VIF for markers FIS Upper IC, HWEd-NS, and FIS, suggesting their relevance in explaining genetic variation without introducing multicollinearity issues. Microsatellite markers like AHT137, INU030, REN247M23, and others exhibited varying levels of tolerance and VIF, emphasizing their distinct contributions. Notably, markers HWEd-ND and FH2848 demonstrated relatively higher tolerance (0.311 and 0.312) and moderate VIF, suggesting their importance in explaining genetic diversity. However, markers with very low tolerance values (0.000), such as HWEd-HS and CXX279, indicated potential redundancy or limited contribution to the analysis.

In the fifth round, moderate tolerance values (ranging from 0.194 to 0.273) coupled with reasonable VIF were observed for markers HWEd-NS, HWEd-S, Allele Number, and He, suggesting their significance in explaining genetic variation without introducing excessive multicollinearity. Microsatellite markers like INU030, REN247M23, AHTh130, and others demonstrated varying levels of tolerance and VIF, emphasizing their unique contributions. The marker AHTK211 showed a higher tolerance of 0.350, suggesting its importance in explaining genetic diversity with a lower risk of collinearity.

2.2.1.2. Model Reliability and Explanatory Potential

The presented statistical results indicate the application of a Box-Cox transformation with a lambda (λ) value of 0.005. The calculated F-statistic (2.266) surpasses the critical F-value (1.197), accompanied by a p-value of less than 0.0001. With degrees of freedom for the numerator (DF1) set at 305 and for the denominator (DF2) at 365, these findings strongly reject the null hypothesis at the 0.05 significance level. The results suggest that the observed effects are statistically significant, emphasizing the presence of a meaningful relationship or difference in the analyzed data. The low p-value underscores the reliability of these findings, further supporting the conclusion that the applied statistical test yields substantial evidence against the null hypothesis. Furthermore, the observed F-statistic of 58.083 significantly exceeds the critical F-value of 1.488, leading to a p-value less than 0.0001. Consequently, there is compelling evidence to reject the null hypothesis at the 0.05 significance level. This implies that the set of dependent variables under examination collectively demonstrates a statistically significant effect or difference. The results of Roy's greatest root test, therefore, indicate the presence of a meaningful relationship within the multivariate dataset, contributing valuable insights to the analysis.

2.2.1.3. Analysis Efficiency

The presented results provide insights into the eigenvalues, discrimination percentages, and cumulative percentages for a set of five discriminant functions (F1 to F5), along with Bartlett's test for eigenvalue significance (Figure 1). The eigenvalues represent the variance explained by each factor, with F1 dominating at 46.619, followed by diminishing values for F2 (0.915), F3 (0.540), F4 (0.245), and F5 (0.148). Discrimination percentages express the proportion of variance attributed to each factor, with F1 contributing significantly at 96.187%, while the subsequent factors contribute progressively smaller percentages. The cumulative percentages indicate that the first factor (F1) explains a substantial portion

(96.187%) of the total variance, with subsequent factors adding to the cumulative explanation.

Bartlett's test for eigenvalue significance reinforces the validity of the eigenvalues. The high Bartlett's statistics for F1 (548.758) and the associated p-value of 0.000 underscore the statistical significance of F1, affirming its meaningful contribution to the analysis. However, the p-values for F2 to F5 are all 1.000, suggesting that these factors may not be statistically significant contributors. Overall, these results highlight the dominance of F1 in explaining the majority of the variability in the dataset, emphasizing its potential importance in further analyses, while cautioning against overreliance on the other factors due to their lack of statistical significance in this context.

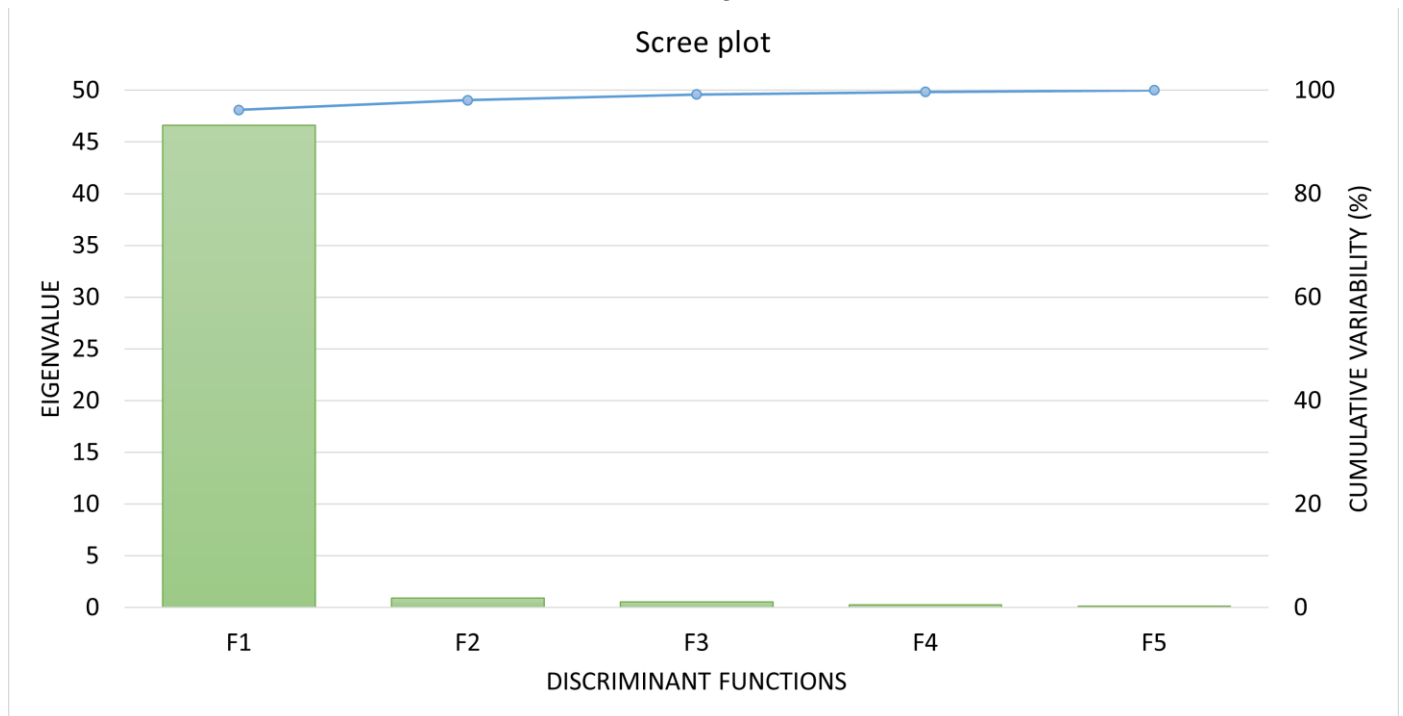


Figure 1. Eigenvalues, discrimination percentages, and cumulative percentages for the revealed set of five discriminant functions (F1 to F5).

2.2.1.4. Discriminant Loadings and Spatial Representation

Discriminant loadings for microsatellite markers and genetic diversity parameters, along with their relative weight, are illustrated in Figures 2. The presented factor loadings for Factor 1 (F1) in a factor analysis reveal the strength and direction of genetic diversity parameters and microsatellite markers between the latent factor and individual variables. For F1, positive loadings are notable for Microsatellite Markers AHTK211 (loading = 1.418), ATH121 (loading = 1.652), AHT137 (loading = 1.747), AHTh130 (loading = 1.675), AHTh171 (loading = 1.760), AHTh260 (loading = 1.751), AHTK253 (loading = 1.802), FH2054 (loading = 1.758), FH2848 (loading = 1.655), INRA21 (loading = 1.797), INU005 (loading = 1.787), INU030 (loading = 1.770), INU055 (loading = 1.791), REN105L03 (loading = 1.706), REN162C04 (loading = 1.704), REN169D01 (loading = 1.775), REN169O18 (loading = 1.695), REN247M23 (loading = 1.775), REN54P11 (loading = 1.791), REN64E19 (loading = 1.776), and CXX279 (loading = 1.674). These positive loadings signify a strong positive association between these variables and F1. Conversely, variables such as He (loading = -0.004), FIS Low IC (loading = -0.191), HWEd-NS (loading = -0.067), HWEd-ND (loading = -0.109), HWEd-S (loading = 0.000), and Microsatellite Marker-REN162C04 (loading = 0.000) exhibit negative loadings, indicating a negative association with F1. The numerical results provide

a precise understanding of the relationships between individual variables and the latent factor F1. 336
337

The territorial map in Figure 3 showcases clear differentiation across breeds, supported 338
339
340
341

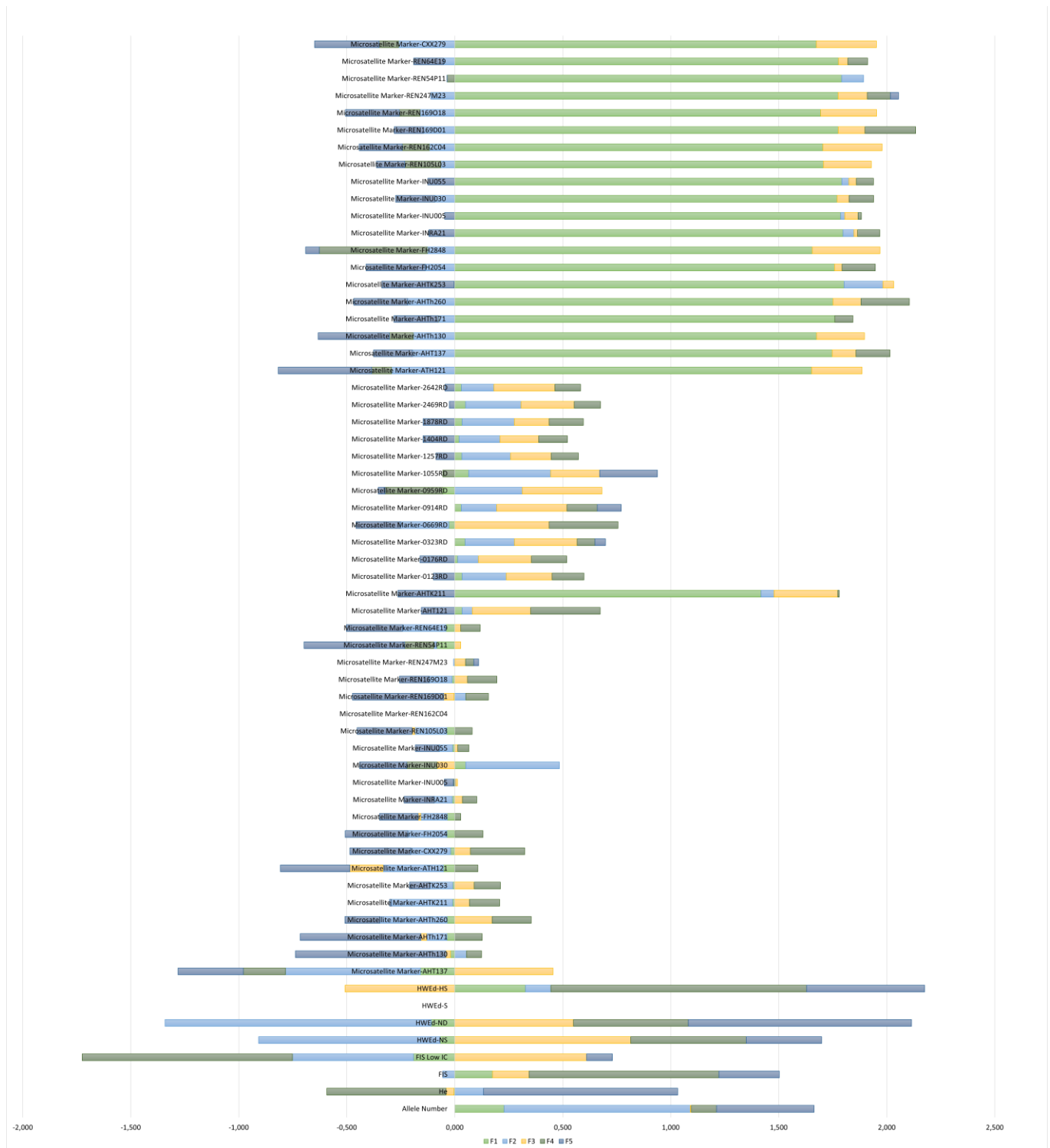


Figure 2. Discriminant Loadings for genetic diversity parameters and microsatellite markers across discriminant functions from F1 to F5. 342
343
344
345

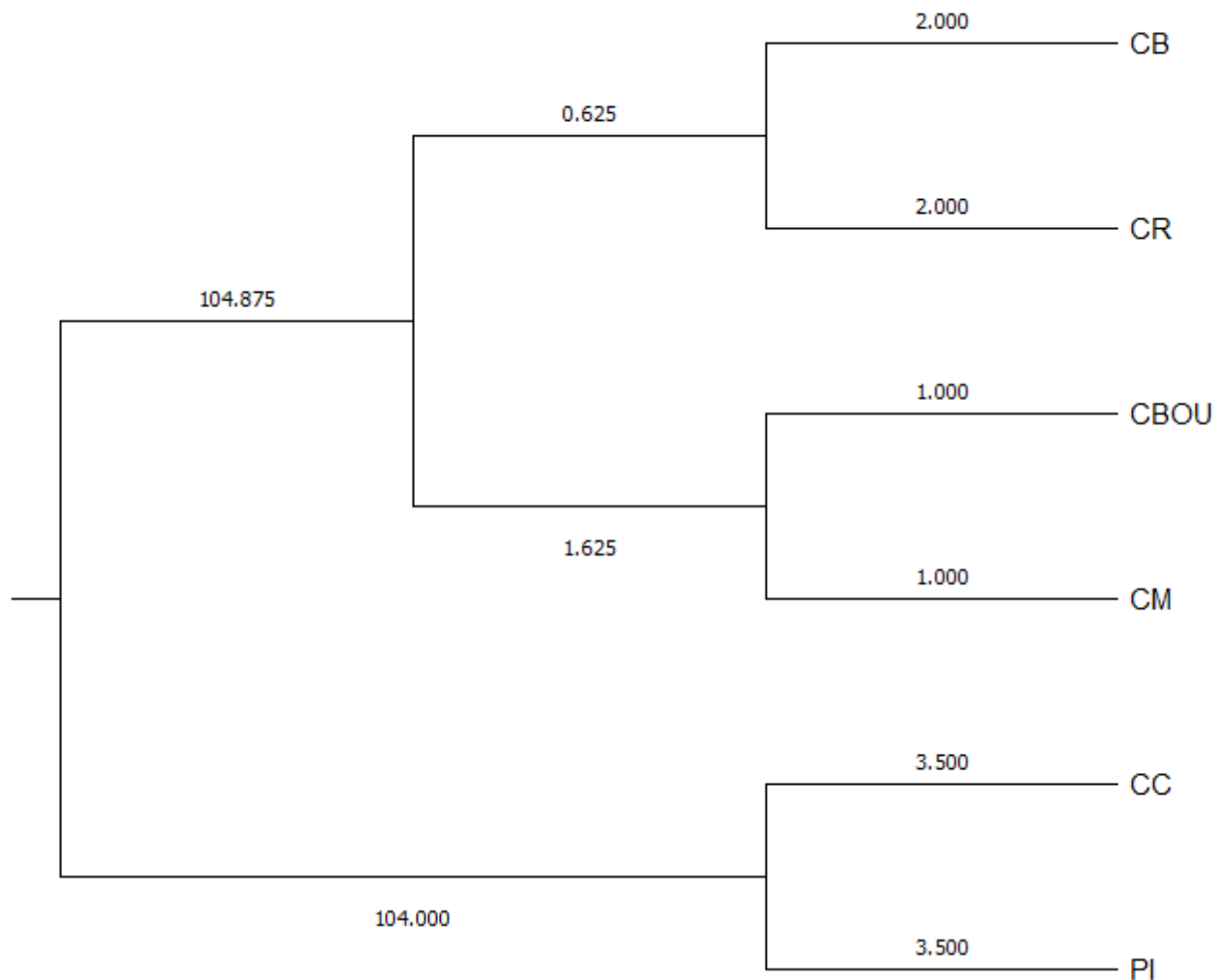


Figure 3. Territorial map representing Mahalanobis distances across endangered dog breeds in the Balearic Islands. Ca de Bestiar (CB), Ca Rater (CR), Ca de Bou (CBOU), Ca Mè (CM), Ca de Conills (CC) and Ibicean Hound or Podenco Ibicenco (PI).

2.2.1.5. Discriminant Potential

The unidimensional test results for equality of means across classes illuminate several variables with distinct discriminatory potential. Notably, HWEd-HS (Lambda = 0.839, F = 5.065), HWEd-ND (Lambda = 0.872, F = 3.876), HWEd-NS (Lambda = 0.923, F = 2.207), FIS (Lambda = 0.927, F = 2.088), He (Lambda = 0.928, F = 2.041), and Allele Number (Lambda = 0.933, F = 1.889) exhibit pronounced discriminatory power, as indicated by their higher Lambda values. In contrast, various microsatellite markers, including ATH121, AHT137, AHTh130, AHTh171, AHTh260, AHTK253, FH2054, FH2848, INRA21, INU005, INU030, INU055, REN105L03, REN162C04, REN169D01, REN169O18, REN247M23, REN54P11, REN64E19, and CXX279, consistently present lower Lambda values of 0.966.

2.2.1.6. Discriminant Analysis Crossvalidation

The calculated Press's Q value, indicative of the predictive performance of a statistical model, stands at approximately 194.26. This value was derived using a formula that

takes into account the total number of observations (N), the number of predicted values (n), and the number of model parameters (K). In this context, N is 138, n is 84, and K is 6. The Press's Q value surpasses the critical threshold of 6.63, signifying a statistically significant improvement in predictions compared to chance at a 95% confidence level. This robustness underscores the model's efficacy in capturing and explaining patterns within the dataset.

Figure 4 presents prior and posterior classification, membership probabilities, scores and squared distances for cross-validation.

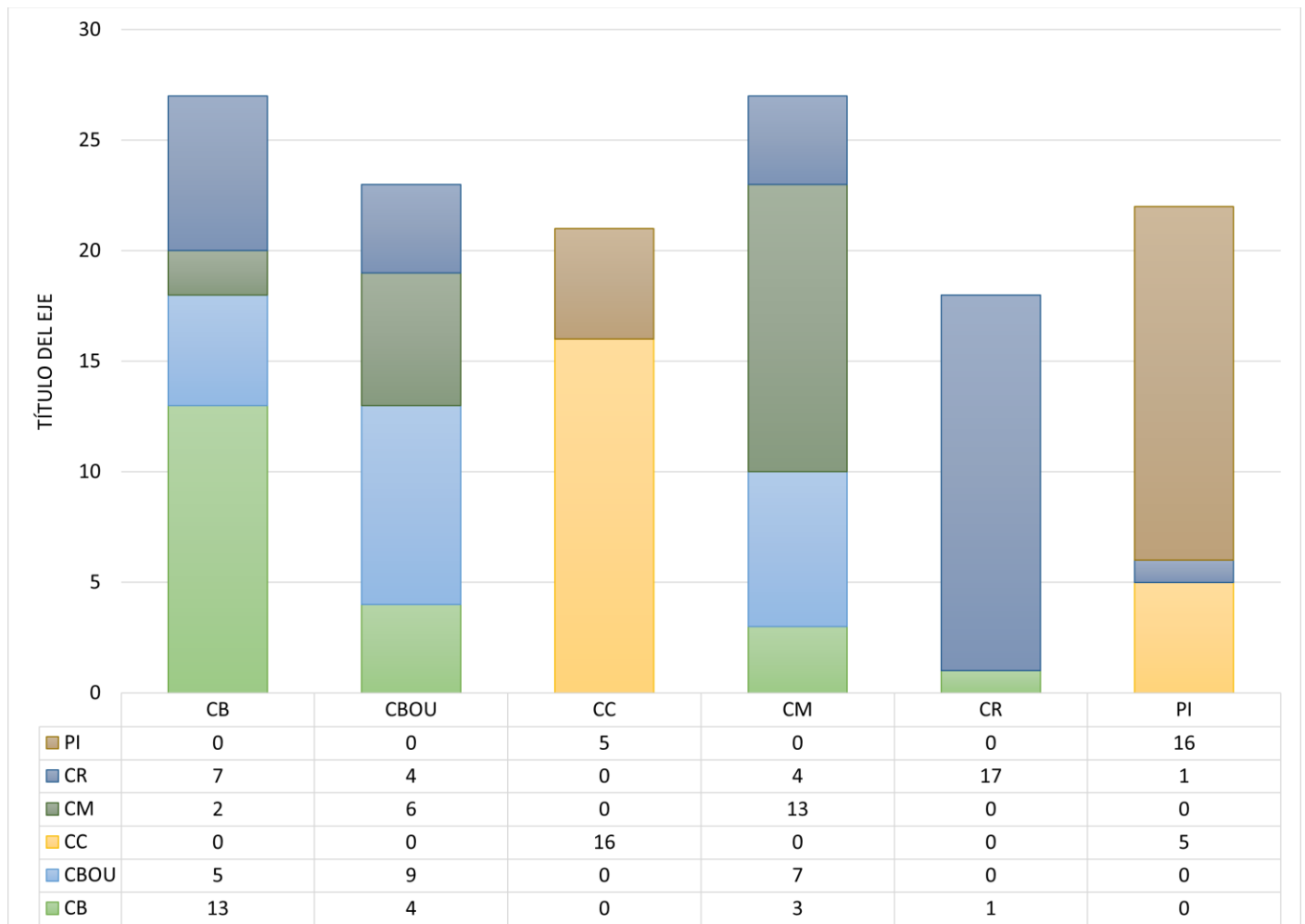


Figure 4. Breeds Prior and posterior classification, membership probabilities, scores and squared distances. Ca de Bestiar (CB), Ca Rater (CR), Ca de Bou (CBOU), Ca Mè (CM), Ca de Conills (CC) and Ibicean Hound or Podenco Ibicenco (PI).

2.2.2. CHAID Tree Analysis

2.2.2.1. Methodology

The genetic diversity and characteristics of dog breeds were explored through a comprehensive decision tree analysis, revealing insights at 42 parental nodes. At the root (Node 1), no specific breed information was identified. As we delve into the subgroups, Node 2 highlighted breeds with allele numbers ranging from 2 to 11. Parental Node 3 showcased breeds with expected heterozygosity values spanning from 0.09 to 0.86. Notably, Nodes 20 and 21 in Parental Node 4 included breeds with inbreeding coefficients (FIS) in the range of -1.16 to -0.11.

Moving forward, Nodes 24 and 25 in Parental Node 5 encompassed breeds with upper confidence intervals for FIS between 0.08 and 0.21. Parental Node 6 (Nodes 26 to 28) captured breeds with effective allele numbers (A_e) ranging from 1.94 to 5.64. Meanwhile, Nodes 29 and 30 in Parental Node 7 included breeds with upper confidence intervals for FIS in the range of 0.21 to 0.36. Nodes 31 and 32 in Parental Node 8 represented breeds with FIS in the range of -0.1 to 0.21.

Parental Node 9 (Nodes 33 to 37) highlighted breeds with allele numbers ranging from 7 to 11, while Nodes 20 and 21 in Parental Node 10 consisted of breeds with FIS between -1.164 and 0.11. Parental Node 11 (Nodes 40 to 43) showcased breeds with FIS in the range of -0.15 to 0.17. Parental Node 12 (Nodes 44 to 47) captured breeds with observed heterozygosity values from 0.37 to 0.72.

Further exploration of allele numbers in Nodes 48 to 52 (Parental Node 13), Nodes 53 and 54 (Parental Node 14), and Nodes 55 and 56 (Parental Node 15) offered a nuanced understanding. Parental Node 16 (Nodes 57 and 58) covered breeds with FIS ranging from -0.1 to 0.05. Nodes 59 and 60 in Parental Node 17 encompassed breeds with upper confidence intervals for FIS between 0.05 and 0.23. Parental Node 18 (Nodes 61 and 62) included breeds with FIS in the range of -0.03 to 0.03.

Parental Node 19 (Nodes 63 and 64) focused on breeds with effective allele numbers (A_e) from 2.73 to 2.93. Subsequent nodes in Parental Nodes 20, 21, 22, and 23 provided additional granularity, emphasizing the observed heterozygosity values, effective allele numbers, and confidence intervals for FIS within specific breed groups.

Parental Nodes 24 to 42 further enriched the analysis, encompassing various breed characteristics such as effective allele numbers, observed heterozygosity values, and inbreeding coefficients. Finally, Parental Node 43 (Nodes 117 to 121) shed light on breeds with inbreeding coefficients ranging from 0.15 to 0.31. This detailed exploration contributes to a comprehensive understanding of the intricate genetic landscape across diverse dog breeds, enhancing our knowledge of canine genetics.

Supplementary Figure S1 represents the CHAID Decision Tree build upon the aforementioned information.

3. Discussion

In the multicollinearity analysis, the inflation factor of variance (VIF) has been used, until reaching a value of 5, which suggests a moderate correlation and that it would not be necessary to resolve it. It took 5 rounds to arrive at this value, removing variables that were highly correlated. Highlighting the correlations between:

The Polymorphic Information Content (PIC) and the Expected Heterozygosity (H_e) explain the same information. Heterozygosity and ICP reflect the polymorphism detected for a genetic marker in a studied population and their value depends on the number of alleles and their frequencies. According to Vaiman, *et al.* [8] there is a semi-logarithmic relationship between the ICP and the number of alleles, so that when the number of alleles detected increases, so does the ICP. According to Martínez [9] there is a direct relationship between the ICP and heterozygosity, in the sense that when one increases, so does the other. The PIC should always be less than H_e , this difference will usually be slight because it is due to the product of frequencies of the alleles squared [10]. Even when all possible heterozygous combinations are added together, they are likely to be small. The ICP is relevant to paternity calculations and is a better measure than H_e by incorporating the possibility of an offspring receiving the same allele from both parents. According to Dhanapal [11] The difference between H_e and PIC is instructive, the PIC will be closer to H_e when there are more alleles and with greater uniformity of allele frequencies (where individuals are less likely to have identical heterozygous genotypes), and is therefore a useful measure of effective diversity that can be compared between loci and populations. The PIC value will be close to zero if there is no allelic variation and can reach a maximum of 1.0 if a genotype has only one new allele, which is a rare phenomenon. This is primarily to assess the diversity of a gene or DNA segment in a population, which will shed light on the

evolutionary pressure on the allele and mutation that the locus might have undergone over a period of time.

The observed Heterozygosity (H_o) and the expected Heterozygosity (H_e) were determined explain the same information. There are two types of heterozygosity, H_o , understood as the proportion of heterozygous individuals observed in a sample of the population, and H_e or genetic diversity calculated from the allele frequencies of the sample [12]. If an individual has two different alleles at a specific locus, the individual is that locus; If the two alleles are equal, the individual is homozygous. H_o can be compared with H_e , and deviations between these values may indicate significant population dynamics [13].

According to Alvariano Martínez [14] The analysis of the population consanguinity coefficient (FIS) is the one that relates H_o to H_e , if $H_o > H_e$, the FIS value is negative and denotes an excess of heterozygotes, otherwise, it is positive, and indicates a defect of heterozygotes in the sample. If H_o and H_e are similar, what it indicates is the absence of stratification within the race [15]. As stated above, therefore, in the breeds in our study there are no subpopulations within the breeds.

The effective number of alleles (A_e) and Expected Heterozygosity (H_e) explain the same information. The observed number of alleles is the actual number of alleles found in a population, and the effective number of alleles is the number of equally frequent alleles that would be needed to achieve the same H_e in the population studied [16]. According to Leroy [17] The actual number of alleles should always be less than or eventually equal to the number of alleles observed. According to Perez [16] Low-frequency alleles contribute little to the effective number of alleles. According to Chybicki [18] A_e it is reciprocal of the expected homozygosity, so it is absolutely correlated with the genetic diversity measured as the H_e .

According to Greenbaum, *et al.* [19] H_o and H_e are mediated by genetic diversity, where A_e it is a measure of genetic diversity indicative of a population's potential for long-term adaptability and persistence and is used less frequently than H_e as a measure of genetic diversity. H_e is an important aspect of population dynamics, as it is directly related to the evolutionary potential of the population and the harmful effects of inbreeding. However, there are several different types of measures of genetic diversity, in particular measures based on heterozygosity and measures based on allelic richness. In conservation, there is often a concern to maintain the highest possible levels of genetic diversity, both heterozygosity and allelic richness. Setting the genetic target at a 95% probability of occurrence is appropriate in conservation, since its interpretation, in terms of statistical confidence, is the "minimum allelic richness retained with 95% confidence", which could be applied in the management of genetic programs or evaluations. The presence of alleles is indicative of the potential for selection to act on an allele and is therefore directly related to the evolutionary potential of the population.

And finally, among the upper limit of the 95% confidence interval of the Inbreeding Coefficient (FIS) and the deviations of the Hardy-Weinberg Equilibrium [20] with non-significant values explain the same information. According to Çiftci and Okumuş [21], FIS values help us detect Hardy-Weinberg deviations by measuring the amount of deficiency or excess of heterozygotes observed in the sample, with the ratio of $FIS = 1 - H_I/H_S$, with H_S , expected mean heterozygosity within populations; and H_I , mean heterozygosity observed within the populations, therefore, the high margin of the 95% confidence interval of the FIS will explain the mismatch of the deviations from the Hardy-Weinberg equilibrium in non-significant values, one will determine if the other will be significant. If the populations are in HW equilibrium, the FIS value is not going to be significantly different from zero.

According to Alvariano Martínez [14], the population inbreeding coefficient or FIS relates the observed heterozygosity to the expected heterozygosity in HW equilibrium ($FIS = (H_e - H_o)/H_e$). If $H_o > H_e$, the FIS value is negative and an excess of heterozygotes is denoted, otherwise, if the FIS value is positive, it indicates a heterozygous defect in the

sample.

In our statistical analysis and according to Roy's root, our calculated p-value is lower than the significance level $\alpha=0.05$, so the analysis is significant.

The truly significant function is the first because it explains 96% of the variability, with the first two functions 98% of the variance would be explained and this second variable will be considered to evaluate differences.

According to the Wilks Lambda test, the variables with the most weight that explain this 98% of variability are the deviations from the equilibrium of HW, the FIS, the H_e and the number of alleles, by the significance values of these, being the value of the deviations from the equilibrium of HW the only variable that, according to its significance value, remains at values lower than 0.05.

Mahalanobis Distance Dendrogram would explain how the breeds behave in terms of the variables of deviations from the equilibrium of HW, FIS, H_e and the number of alleles that would explain 98% of the variability.

They are grouped into three groups, on the one hand, the CB and CR, on the other hand, the CBOU and CM, and on the other hand, the PI and CC. The BC and CR could be explained by the fact that they are breeds with greater follow-up due to their respective associations and contribution of data from the association to the administration. The CBOU and the CM could be explained by the irregular contribution of data from the associations to the administration and even in the collection of genealogical information. The PI and CC are explained by coming from the same trunk.

Any significant deviation in the deviations from the HW equilibrium will indicate that the population could be subdivided, or that there is significant inbreeding or that there is gene flow from another population.

Considering the variables of deviations from the HW equilibrium, FIS, H_e and the number of alleles, 60% of the observations are correct, that is, they are ascribed to the defined breed, therefore 84 out of 138 according to the molecular analysis that has been done behave as to the population to which they belong.

In the analysis of the CHAID decision tree, the following appeared, 121 nodes or branches and 43 parental nodes appeared, and between them there are 138 competing objects. The root node is the deviations from the HW equilibrium, from which two branches are born, which would be, on the one hand, highly significant (HS) and significant (S) values, and on the other hand, non-significant (NS) and undetermined (ND) values. From the node of the deviations from the HW equilibrium with HS and S values, another branch opens by the number of alleles. From the node of the number of alleles, 7 branches start, 3 of them being terminal nodes, and the other four would be three of them for the value of the FIS and the remaining one for the A_e . From the FIS node there are 6 other branches, being 5 terminal nodes and 1 one for the upper limit of the 95% confidence interval of the FIS. From node A_e and branching off the allele number node, three branches start, two of them being terminal nodes and one for the upper limit of the 95% confidence interval of the FIS.

From the node of the deviations of the HW equilibrium with ND and NS values, another branch opens that pivots in the H_e . From the H_e node there are 9 branches, 2 of them being terminal nodes, and the other seven would be three of them for the value of the FIS, another three for the number of alleles and the rest for the H_o . From the 3 nodes of FIS, there are branches, some of them go to terminal nodes and others to nodes of the number of alleles, H_o , low limit of the 95% confidence interval of the FIS and from these in turn branch into terminal nodes and nodes of the high and low limit of the 95% confidence interval of the FIS, number of alleles, H_o , and these in turn into terminal nodes. From the 3 nodes of the number of alleles, branches start, some of them go to terminal nodes and others to FIS nodes, high limit of the 95% confidence interval of FIS, H_o and A_e and from these in turn branch into terminal nodes and nodes of A_e , H_o , and these in turn into terminal nodes. From the H_o node, branches start, some of them go to terminal

nodes and others to nodes of allele number, and these in turn branch into terminal nodes and nodes of FIS and the upper limit of the 95% confidence interval of the FIS, and these in turn into terminal nodes.

As for the CB, in reference to the deviations from the HW equilibrium, values can be seen in the entire range from HS and S to ND and NS. In reference to the number of alleles, its values range from 3 to 11. In reference to the value of the FIS, its value range from -1.16 to 0.115. In reference to the Ae, its range of values goes from 3.13 to 4.635. In reference to the upper limit of the 95% confidence interval of the FIS, its range of values goes from 0.140 to 0.360. In reference to the He, its range of values goes from 0.540 to 0.860. In reference to the Ho, its range of values goes from 0.535 to 0.635. In reference to the low limit of the 95% confidence interval of the FIS, its range of values goes from -0.280 to -0.04.

Regarding the CBOU, in reference to the deviations from the HW equilibrium, values are observed only in the range of ND and NS. In reference to the number of alleles, its values range from 4 to 11. In reference to the FIS value, its range of values goes from -0.35 to 0.17. In reference to the Ae, its range of values goes from 2.73 to 4.53. In reference to the high limit of the 95% confidence interval of the FIS, its range of values goes from 0.05 to 0.265. In reference to the He, its range of values goes from 0.09 to 0.805. In reference to the Ho, its range of values goes from 0.370 to 0.810. In reference to the low limit of the 95% confidence interval of the FIS, its range of values goes from -0.910 to -0.080.

As for the CC, in reference to the deviations from the HW equilibrium, values can be seen in the entire range from HS and S to ND and NS. In reference to the number of alleles, its value range from 3 to 10.5. In reference to the FIS value, its value range goes from -0.18 to 0.21. In reference to the Ae, its range of values goes from 1.94 to 4.635. In reference to the upper limit of the 95% confidence interval of the FIS, its range of values goes from -0.02 to 0.36. In reference to the He, its range of values goes from 0.540 to 0.860. In reference to the Ho, its range of values goes from 0.535 to 0.745. In reference to the low limit of the 95% confidence interval of the FIS, its range of values goes from -0.91 to -0.57.

Regarding the CM, in reference to the deviations from the HW equilibrium, values are observed only in the range of ND and NS. In reference to the number of alleles, its values range from 4 to 11. In reference to the value of the FIS, its range of values goes from -0.15 to 0.135. In reference to the Ae, its range of values goes from 2.63 to 4.53. In reference to the upper limit of the 95% confidence interval of the FIS, its range of values goes from 0.04 to 0.39. In reference to the He, its value range goes from 0.29 to 0.86. In reference to the Ho, its range of values goes from 0.37 to 0.745. In reference to the low limit of the 95% confidence interval of the FIS, its range of values goes from -0.57 to -0.15.

As for the CR, in reference to the deviations from the HW equilibrium, values can be seen in the entire range from HS and S to ND and NS. In reference to the number of alleles, its values range from 2 to 11. In reference to the FIS value, its value range goes from -0.635 to 0.17. In reference to the Ae, its range of values goes from 2.71 to 5.64. In reference to the high limit of the 95% confidence interval of the FIS, its range of values goes from 0.04 to 0.28. In reference to the He, its range of values goes from 0.09 to 0.86. In reference to the Ho, its range of values goes from 0.37 to 0.745. In reference to the low limit of the 95% confidence interval of the FIS, its range of values goes from -0.57 to -0.15.

As for PI, in reference to deviations from the HW equilibrium, values can be seen in the entire range from HS and S to ND and NS. In reference to the number of alleles, its values range from 2 to 9.5. In reference to the value of the FIS, its range of values goes from -0.15 to 0.135. In reference to the Ae, its range of values goes from 2.745 to 5.64. In reference to the upper limit of the 95% confidence interval of the FIS, its range of values goes from 0.07 to 0.28. In reference to the He, its range of values goes from 0.54 to 0.86. In reference to the Ho, its range of values goes from 0.565 to 0.81. In reference to the low limit of the 95% confidence interval of the FIS, its range of values goes from -0.57 to -0.08.

Regarding the deviations from the HW equilibrium, there are differences between the breeds, with the CBOU and CM behaving in the same way as they have ND and NS values and on the other hand the CB, CC, CR and PI that have values throughout the

range, so they have some alleles with deviation from the HW equilibrium. already described by Garrido, *et al.* [22] in the Alano Español, where he commented that a deviation from the Hardy-Weinberg equilibrium has been detected for two microsatellites due to a heterozygous deficit. 77.5% of alleles are in equilibrium for HW deviation, 7.2% of alleles have highly significant imbalance, 7.9% of alleles have significant imbalance, and 7.2% of alleles are undetermined. According to Abramovs, *et al.* [23], HW equilibrium is a fundamental principle in population genetics, which states that genotypic frequencies in a population remain constant between generations in the absence of perturbations by external factors. According to Waples [24], factors that are most likely to produce locus-specific deviations from HW balance include selective mating, null alleles, or genotyping and sexual bonding errors/artifacts (differences in the frequency of alleles between sexes leading to excess heterozygosity), and even comments that if one or more problematic loci can be identified that have deviations from the HW balance that can be attributed to difficulty recording genotype True, those loci could be removed from the dataset for further analysis.

As for the number of alleles, there are differences between the breeds both in their range at the lower limit and at their upper limit, as for the low limit the value is 2 and we only find the CR and PI, from 3 the CB and CC already appear and from 4 the CBOU and CM appear. And due to the high limit, the PI disappears from 9.5, the CC from 10.5 and the rest of the CB, BOU, CM and CR breeds reach the value of 11. According to these data, the CR is the one with the highest range from 2 to 11, which would indicate a higher allelic richness, and the one with the lowest rank is the CM from 4 to 11. Minor results have been described by Garrido, Capote, Morera, de Andrés Cara and Barbancho [22], for the Spanish Alano where its range of values ranged from 3 to 7, a range greater than the one described by our results San José, *et al.* [25] for the Valencian Hound, where the range was 6-15. According to Greenbaum, Templeton, Zarmi and Bar-David [19], allele richness (number of alleles) is a measure of genetic diversity indicative of a population's potential for long-term adaptability and persistence.

As for the value of the FIS there are differences between the breeds both in its lower value and in its upper value, as for the low value, the data is -1.16 and we only find the CB, from values of -0.635 the CR already appears, in values of -0.35 appears the CBOU, in values of -0.18 appears the CC and from values -0.15 the CM and PI already appear. And on the high side, the CB disappears from the value 0.115, the CM and PI from the value 0.135, the CBOU and CR from the value 0.17 and the CC reaches the value of 0.21. The largest range between values is found for the CB with a value of 1.27, a value higher than that reported by Koskinen and Bredbacka [26] for the Bedlington Terrier and the lowest range is found for the CM and PI with a value of 0.285, a value similar to that described by Koskinen and Bredbacka [26] for the wire-haired dachshund, and our values are all higher than those reported for Finnis populations of five dog breeds. Koskinen and Bredbacka [26]. According to Kardos, *et al.* [27], the FIS ranges from -1 to 1, and positive values indicate that the pairings are more closely related on average than expected, and a deficit of heterozygotes and negative FIS values indicate that, on average, the pairings are less closely related than would be expected by chance, resulting in an excess of heterozygotes, therefore, FIS should not be considered a measure of the degree of individual inbreeding in a population.

As for the value of the Ae There are differences between the breeds both in their range by the lower limit and in their upper limit, as for the low limit the value is 1.94 and we only find the CC, from values of 2.63 the CM already appears, in values of 2.71 the CR appears, in values of 2.73 appears the CBOU, at values of 2.745 the PI appears and from values of 3.13 the CB appears. And by the high limit the CBOU and CM disappear from the value 4.53, the CB and CC from the value 4.635 and the CR and PI reach the value of 5.64. According to these values, the CR is the one with the highest range from 2.71 to 5.64 and the one with the lowest range is the CB that goes from 3.13 to 4.635. Minor results were reported by Czyż, *et al.* [28] for the Chihuahua with a range of 3.33 to 5.44 and higher

results for the Caucasian Shepherd with a range of 2.37 to 5.33. According to Greenbaum, Templeton, Zarmi and Bar-David [19], H_o is a measure of genetic diversity, indicative of a population's potential for long-term adaptability and persistence.

As for the value of the high limit of 95% of the confidence interval of the FIS, there are differences between the breeds both in its lower value and in its upper value, as for the low limit the value is -0.02 and we only find the CC, from values of 0.04 the CM and CR already appear at values of 0.05 the CBOU appears, at values of 0.07 the PI appears and from values of 0.14 the CB appears. And for the high value, the CBOU disappears from the value 0.265, the CR and PI from the value 0.28, the CB and CC from the value 0.36 and the CM reach the value of 0.39. It is a range of values that with a 95% probability the high limit value of the FIS lies between these values. As for the value of the H_e there are differences between the breeds both in its lower limit and in its upper limit, as for the low limit the value is 0.09 and we find the CBOU and CR, from values of 0.29 the CM already appears and from values of 0.54 the CB already appears, CC and PI. And due to the high limit, the CBOU disappears from the value 0.805 and the rest of the breeds CB, CC, CM, CR and PI reach the value of 0.86. The CR occupies the entire range of values from 0.09 to 0.86, which would indicate a higher degree of genetic diversity, a value higher than that reported by Koskinen and Bredbacka [26] for the Bedlington Terrier and the one with the lowest rank is CB ranging from 0.54 to 0.86, a value similar to that described by Koskinen and Bredbacka [26] for the wire-haired dachshund. According to Dzitsiuk, *et al.* [29] The analysis of heterozygosity is important to study the dynamics of genetic processes in populations, because heterozygosity has an effect on many factors, including mutations, selection, non-random mating, genetic drift, etc., so continuous monitoring of genetic diversity is required for its timely identification and the development of measures to improve breeding work on biodiversity in different dog breeds. According to Harris AM [30], genetic diversity, or expected heterozygosity H_e , is a common statistic for assessing genetic variation within populations. The estimation of this statistic decreases in accuracy and precision when individuals are related or inbred, due to a greater dependence between allele copies in the sample.

As for the value of the H_o there are differences between the breeds both in its lower limit and in its upper limit, as for the low limit the value is 0.37 and we find the CBOU, CM and CR, from values of 0.535 the CB and CC already appear and from values of 0.565 the PI already appears. And by the high limit the CB disappears from the value 0.635, the CC, CM and CR from the value 0.745 and the rest of the CBOU and PI breeds reach the value of 0.81. The CBOU occupies the entire range of values from 0.37 to 0.81, which would indicate a higher degree of heterozygotes, a value higher than that reported by Koskinen and Bredbacka [26] for the wire-haired dachshund and the lowest range the CB with values from 0.535 to 0.635, a value similar to that reported by Czyż, Filistowicz, Przysiecki and Vrtková [28] for Chihuahua. According to Valdez [31] H_o is the proportion of heterozygous organisms calculated from the genotypes observed in a population sample. Animals with a high degree of heterozygosity within a breed are less affected by inbreeding than those with a low degree of heterozygosity. Small population sizes and inbreeding can decrease the heterozygosity of a breed.

Regarding the value of the low limit of the confidence interval of the FIS there are differences between the breeds both in its lower limit and in its upper limit, as for the low value the value is -0.91 and we find the CBOU and CC, from values of -0.57 the CM, CR and PI already appear and from values of -0.28 the CB already appears. And for the high value, the CC disappears from the value -0.57, the CM and CR from the value -0.15, the CBOU and PI from the value -0.08 and the CB reach the value of -0.04..

4. Materials and Methods

4.1. Sampling

Sampling was conducted by various officially recognized associations or clubs for the CB, CBOU, PI, CR, CM, and CC breeds. Hair samples were collected from individuals

meeting the breed standard or population characteristics (in the case of CC), identified with the animal's microchip. All supplementary information, including sex, date of birth, genealogies, and owner details, was reported to the DNA Germplasm Bank for Balearic dog breeds in the Applied Molecular Genetics Laboratory (Research Group PAIDI-AGR-218, University of Córdoba). Sampling for each breed occurred over the years to ensure a significant and representative sample size. The number of samples sent per breed was 241 for CB, 72 for CBOU, 94 for PI, 116 for CR, 94 for CM, and 47 for CC, covering all the conducted studies and analyses (genetic characterization, parentage tests, and assignments).

4.2. Laboratorial Analyses

A total of 275 samples from the Applied Molecular Genetics Laboratory (Research Group PAIDI-AGR-218, University of Córdoba) were used for interracial studies, encompassing all six breeds. The DNA was extracted using the method described by Walsh, Metzger et al. [32], utilizing hairs with visible hair bulbs.

The recommended microsatellites by the International Society of Animal Genetics (ISAG) for diversity and parentage studies in dogs were employed. Depending on the breed, 21 or 33 microsatellites were used. Commonly used microsatellites included AHT121, AHT137, AHTh130, AHTh171, AHTh260, AHTk211, AHTk253, CXX279, FH2848, FH2054, INRA021, INU005, INU030, INU055, REN105L03, REN162C04, REN169D01, REN169O18, REN247M23, REN54P11, REN64E19, and for CR, 33 microsatellites. Additional microsatellites for CR were 2642RD, 1404RD, 1878RD, 0914RD, 2469RD, 0176RD, 0959RD, 0323RD, 0669RD, 0123RD, 1055RD, and 1257RD.

Microsatellites were amplified using polymerase chain reaction (PCR), and the amplified fragments were separated by capillary electrophoresis using an ABI3130XL capillary automatic sequencer. Fragment analysis and allelic typing were performed using GENESCAN ANALYSIS v 3.1.2 and GENOTYPER v 2.5.2 software, respectively. Size standardization was done using Genescan 500 HD LIZ Orange Size standard.

4.3. Intra-racial Genetic Diversity

Mean number of alleles per locus (MNA), expected (H_e), and observed (H_o) heterozygosity were calculated using the MICROSATELLITE TOOLKIT software for Excel [33]. The intraracial genetic variation coefficient (F_{IS}) with a 95% confidence interval was calculated using GENETIX [34]. Substructure analysis of the studied dog breeds was performed using the STRUCTURE program [35], dividing individuals into clusters (K) based on similar variation patterns.

For CR and CM breeds, effective number of alleles was calculated using PopGene [36], and polymorphic information content (PIC) was calculated using the CERVUS program.

A Hardy-Weinberg equilibrium test was conducted using GENEPOP [37], applying Fisher's exact test with the Markov chain Monte Carlo method [38] and Bonferroni correction for CB, CR, CM, and CC breeds.

4.4. Inter-racial Genetic Diversity

All Balearic breeds were included for a comprehensive overview of the genetic situation of each breed relative to others. Wright's F-statistics [39] were calculated, including FIT (individual inbreeding coefficient relative to the total population), F_{ST} (effect of subpopulations compared to the total population), and F_{IS} (individual inbreeding coefficient relative to its subpopulation) with a 95% confidence interval. These statistics were calculated using the GENETIX program [34]. A Correspondence Factor Analysis was performed with the same program. Reynolds genetic distances [40] were calculated using the POPULATIONS software [41]. A distance-based tree was constructed to represent the genetic relationships graphically. The STRUCTURE program (Pritchard, Stephens et al. 2000) was employed, with a Bayesian algorithm, to study the genetic structure of

populations, creating as many clusters as existing populations plus one to identify internal structures if any. For the study of Balearic breeds, this was done from $K = 2$ to $K = 7$, with 10 repetitions for each K . Finally, the optimal K was calculated according to the method of Evanno, Regnaut et al. [42] using the STRUCTURE HARVESTER program [43] based on the results obtained from the STRUCTURE program. The CLUMPAK program [44] was used for visualizing the results of genetic structure.

4.5. Statistical Analyses.

4.5.1 Canonical Discriminant Analysis (CDA)

4.5.1.1 CDA Methodology

Canonical Discriminant Analysis (CDA) was employed as a powerful statistical tool to study the relationships between genetic diversity parameters and the microsatellite molecular markers used in each breed. This involved a comprehensive analysis to create a robust classification tool capable of discerning intricate patterns within and between breeds based on the information available about them. The analysis utilized the Classify package of SPSS version 26.0 software and the canonical discriminant analysis routine of the Analyzing Data package of XLSTAT software (Addinsoft Pearson Edition 2014, Addinsoft, Paris, France).

4.5.1.2 Canonical Relationship Plotting

The initial step involved the visualization of canonical relationships to provide a spatial representation of group differences. Leveraging regularized forward stepwise multinomial logistic regression algorithms, variable selection was carried out, considering prior probabilities based on group sizes. This meticulous approach aimed to optimize the efficiency of the subsequent discriminant analyses.

4.5.1.3 Sample Size Consideration

A critical aspect of the study was the adherence to robust sample size practices. Maintaining a ratio of 4-5 times higher observations to independent variables ensured statistical power, a crucial element in achieving meaningful and reliable results. This approach followed the recommendations of established research practices, emphasizing the importance of sample size in maintaining analytical rigor.

4.5.1.4 Multicollinearity Analysis

To ensure the integrity of the analyses, an in-depth examination of multicollinearity was conducted. Variance inflation factor (VIF) and tolerance were employed to gauge the linear relationships among predictors. A VIF threshold of 5 was utilized to identify and mitigate potential multicollinearity issues.

4.5.1.5 Canonical Correlation Dimension

The exploration of canonical correlations provided insights into the relationships between sets of variables. Emphasis was placed on canonical correlation values exceeding 0.30, indicating a substantial proportion of explained variance in the dataset.

4.5.1.6 Discriminant Analysis Efficiency

Efficiency in discriminant analysis was gauged through Wilks' lambda test, assessing the significance of variables in the discriminant function. The χ^2 test examined the significance of Wilks' Lambda, providing crucial insights into the well-explained group description.

4.5.1.7 Discriminant Model Reliability

The reliability of the discriminant analysis model was evaluated through Pillai's trace criterion, specifically suitable for cases of unequal sample sizes. Significance at a level of 0.05 or below indicated the statistical significance of the predictor set in explaining

variations in molecular genetic diversity parameters and molecular microsatellite markers across distinct breeds.

4.5.1.8 Canonical Loading Interpretation

Canonical played a pivotal role in the interpretation of discriminating variables. Variables with substantial discriminant loading ($\geq|0.40|$) were identified, contributing significantly to the classification. The stepwise procedure technique ensured the exclusion of nonsignificant variables.

4.5.1.9 Discriminant Function Reliability: Validation and Cross-Validation

The cross-validation phase involved leave-one-out analysis, determining the probability of correct breed classification. The evaluation utilized Press's Q statistic, comparing the classification rate against a critical χ^2 value. This rigorous assessment provided insights into the generalizability and reliability of the discriminant functions.

4.5.2. Data Mining CHAID

4.5.2.1 Decision Tree

The CHAID decision tree analysis was conducted using the CHAID package in both SPSS version 26.0 software and XLSTAT software (Addinsoft Pearson Edition 2014, Addinsoft, Paris, France).

4.5.2.2. Decision Tree Methodology

The data mining phase utilized the Chi-squared automatic interaction detection (CHAID) decision tree methodology to examine whether the values for genetic diversity parameters and molecular microsatellite markers follow certain patterns across the different breeds in the Balearic Archipelago. CHAID, a technique focused on classification, prediction, and data interpretation, employed a root node, branches, and leaf nodes. Internal nodes were created around variables related to the genetic diversity parameters and molecular microsatellite markers, guided by a Chi-square test significance split criterion ($P < 0.05$). Pruning processes, both pre and post, were implemented to prevent overcomplication and ensure the inclusion of branches significantly contributing to the overall fit. The decision tree, analogous to forward stepwise regression, aimed to capture significant relationships among independent variables. Each branch represented outcomes of the test, while leaf nodes indicated category levels of the target variable (Breed in our case).

4.5.2.3. Decision Tree Reliability: Validation and Cross-Validation

The cross-validation of the decision tree was essential to validate its generalizability to the parameters of genetic diversity and microsatellite markers. To achieve this, the complexity parameter and cross-validated error rate were instrumental in selecting a tree that balances accuracy and simplicity. A leave-one-out cross-validation approach was employed to mitigate overfitting risks and enhance the predictive accuracy of the model for diverse breeds.

In essence, this integrated approach to canonical discriminant analysis and subsequent data mining methodologies aimed to provide a nuanced understanding of the complex relationships within the dataset. By combining traditional statistical techniques with advanced data mining methods, the study sought to create a robust and reliable tool for classifying breeds based on the values reported for their molecular genetic diversity parameters and microsatellite markers.

5. Conclusions

The molecular genetic characterization helps us understand the situation of a breed to establish breeding programs. If these breeds are also native, with low populations and at risk of extinction, the role becomes even more crucial when implementing recovery programs. According to our study, the most interesting parameters to calculate for

understanding intra- and interracial genetic diversity would be the deviation from Hardy-Weinberg equilibrium, the effective number of alleles, Inbreeding Coefficient and its upper and lower limits of the 95% confidence interval, Expected Heterozygosity, and Observed Heterozygosity. Balearic dog breeds are genetically homogeneous, in HW equilibrium, with moderate to high genetic diversity, except for CBOU, which is at a lower level, with no subpopulations and complete differentiation among breeds. Lack of knowledge of these variables in populations can lead to inaction, which, in turn, may result in increased inbreeding in populations at risk of endogamous depression and increased allele frequencies of alleles that can cause diseases, usually recessive ones. Breeding programs for these breeds should be based on the goal of increasing the number of individuals in the population while maintaining the maximum genetic diversity of the founders of the breed, causing minimal increases in inbreeding, with the possibility of including targeted matings to increase population genetic diversity.

Supplementary Materials: The following supporting information can be downloaded at: www.mdpi.com/xxx/s1, Figure S1: title; Table S1: title; .

Author Contributions: Conceptualization, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Data curation, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Formal analysis, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Funding acquisition, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez and Juan Vicente Delgado Bermejo; Investigation, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza and Francisco Javier Navas González; Methodology, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Project administration, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez and Juan Vicente Delgado Bermejo; Resources, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez and Juan Vicente Delgado Bermejo; Software, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza and Francisco Javier Navas González; Supervision, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Validation, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez and Francisco Javier Navas González; Visualization, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Writing – original draft, José Manuel Alanzor Puente and Francisco Javier Navas González; Writing – review & editing, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. All authors read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: The present research was carried out during the covering period of a Ramón y Cajal Post-Doctoral Contract with the reference MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union “NextGenerationEU”/PRTR.

Institutional Review Board Statement: Not applicable.

Informed Consent Statement: Not applicable.

Data Availability Statement: Data will be made available from corresponding author upon reasonable request.

Acknowledgments: The authors express sincere gratitude to the Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí, and Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya for their invaluable support and collaboration in making public essential insights and data that were eventually used for this study. The commitment and dedication of these organizations to the preservation and promotion of canine breeds in the Balearic Islands have significantly enriched the research, enabling their comprehensive understanding and permitting the evaluation of the genetic dynamics and evolutionary patterns of the breeds and breed groups present in the archipelago. Their expertise and contributions have been instrumental in advancing our knowledge of the breed populations, reflecting their deep commitment to the conservation and welfare of these unique canine breeds.

Conflicts of Interest: The authors declare no conflict of interest.

References

1. Navas, F.J. II Jornada sobre el Ca de Conill de Menorca. 30 April to 1st May, 2022, Mercadal, Menorca, Spain, 2023. 928
2. Martínez, A.; Vega, J.L.; Delgado, J.V. Caracterización genética de razas de caza: casos aplicados a Mallorca. *Recerca i gestió dins l'àmbit cinegètic. Mon. Soc. Hist. Nat. Balears* **2019**, *28*, 115-117. 929
3. Parker, H.G.; Kim, L.V.; Sutter, N.B.; Carlson, S.; Lorentzen, T.D.; Malek, T.B.; Johnson, G.S.; DeFrance, H.B.; Ostrander, E.A.; Kruglyak, L. Genetic structure of the purebred domestic dog. *Science* **2004**, *304*, 1160-1164. 930
4. Aguilera, L.; Canales, A.; Pons, A.; Delgado, J.; Martínez, A. Caracterización genética del Ca Rater Mallorquí con microsatélites. *Arch. Zootec.* **2022**, *71*, 270-276. 931
5. Davies, N.; Villablanca, F.X.; Roderick, G.K. Determining the source of individuals: multilocus genotyping in nonequilibrium population genetics. *Trends Ecol. Evol.* **1999**, *14*, 17-21. 932
6. Solano-Gallego, L.; Llull, J.; Ramos, G.; Riera, C.; Arboix, M.; Alberola, J.; Ferrer, L. The Ibiza hound presents a predominantly cellular immune response against natural Leishmania infection. *Vet. Parasitol.* **2000**, *90*, 37-45. 933
7. Méndez, S.; Dunner, S.; García, J.; de Argüello, S.; Crespo, M.; Chomón, N.; Calderón, L.; Sañudo, B.; Cañón, J. Caracterización del perro de agua del cantábrico. *Arch. Zootec.* **2011**, *60*, 405-408. 934
8. Vaiman, D.; Mercier, D.; Moazami-Goudarzi, K.; Eggen, A.; Ciampolini, R.; Lépingle, A.; Velmala, R.; Kaukinen, J.; Varvio, S.-L.; Martin, P. A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mamm. Genome* **1994**, *5*, 288-297. 935
9. Martínez, M.A.M. Caracterización genética del cerdo Ibérico mediante marcadores moleculares. Universidad de Córdoba: Córdoba, Spain, 2001. 936
10. Cunningham, M. What is the difference between polymorphic information content (PIC) and heterozygosity (H) in parentage testing?. Retrieved from: . Available online: [https://www.researchgate.net/post/What is the difference between polymorphic information content PIC and heterozygosity H in parentage testing](https://www.researchgate.net/post/What-is-the-difference-between-polymorphic-information-content-PIC-and-heterozygosity-H-in-parentage-testing) (accessed on 15/04/2023) 937
11. Dhanapal, A.P. What is the difference between polymorphic information content (PIC) and heterozygosity (H) in parentage testing? Available online: [https://www.researchgate.net/post/What is the difference between polymorphic information content PIC and heterozygosity H in parentage testing/](https://www.researchgate.net/post/What-is-the-difference-between-polymorphic-information-content-PIC-and-heterozygosity-H-in-parentage-testing/) (accessed on 15/04/2023) 938
12. Nei, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* **1978**, *89*, 583-590. 939
13. Official website of National Institute of Justice of the United States Government. Population Genetics and Statistics for Forensic Analysts. Available online: <https://nij.ojp.gov/nij-hosted-online-training-courses/population-genetics-and-statistics-forensic-analysts/population-theory/population-genetics/heterozygosity> (accessed on 15/08/2023) 940
14. Alvarino Martínez, P. Evaluación de la diversidad genética y de parentesco en poblaciones de Rubia Gallega (*Bos Taurus*). MSc Degree Final Project. Universidad de A Coruña, A Coruña, Spain, 2019. 941
15. Cañas-Álvarez, J.; González-Rodríguez, A.; Munilla, S.; Varona, L.; Díaz, C.; Baro, J.; Altarriba, J.; Molina, A.; Piedrafita, J. Genetic diversity and divergence among Spanish beef cattle breeds assessed by a bovine high-density SNP chip. *J. Anim. Sci.* **2015**, *93*, 5164-5174. 942
16. Perez, M. What is the difference between effective number of alleles and observed number of alleles? Available online: <https://www.researchgate.net/post/What-is-the-difference-between-effective-number-of-alleles-and-observed-number-of-alleles/>. (accessed on 15/04/2023) 943

17. Leroy, G. Re: What is the difference between effective number of alleles and observed number of alleles? Available online: <https://www.researchgate.net/post/What-is-the-difference-between-effective-number-of-alleles-and-observed-number-of-alleles/>. (accessed on 15/04/2023) 970-972
18. Chybicki, I. How can I calculate mean number of alleles per locus (A) and effective number of alleles per locus (Ae) in case of genetic diversity analysis? Available online: <https://www.researchgate.net/post/How-can-I-calculate-mean-number-of-alleles-per-locus-A-and-effective-number-of-alleles-per-locus-Ae-in-case-of-genetic-diversity-analysis/55ae62535e9d97d3898b463a/citation/download>. (accessed on 15/04/2023) 973-976
19. Greenbaum, G.; Templeton, A.R.; Zarmi, Y.; Bar-David, S. Allelic richness following population founding events—a stochastic modeling framework incorporating gene flow and genetic drift. *PLoS one* **2014**, *9*, e115203. 977-978
20. Schober, P.; Boer, C.; Schwarte, L.A. Correlation coefficients: appropriate use and interpretation. *Anesth. Analg.* **2018**, *126*, 1763-1768. 979-980
21. Çiftci, Y.; Okumuş, İ. Fish population genetics and applications of molecular markers to fisheries and aquaculture: I-Basic principles of fish population genetics. *Turkish J. Fish. Aquat. Sci.* **2002**, *2*. 981-982
22. Garrido, J.; Capote, C.B.; Morera, L.; de Andrés Cara, D.F.; Barbancho, M. Detección de variabilidad genética por microsatélites en el alano español. *Arch. Zootec.* **1999**, *48*, 63-70. 983-984
23. Abramovs, N.; Brass, A.; Tassabehji, M. Hardy-Weinberg equilibrium in the large scale genomic sequencing era. *Front. Genet.* **2020**, *11*, 210. 985-986
24. Waples, R.S. Testing for Hardy-Weinberg Proportions: Have We Lost the Plot? *J. Heredity* **2014**, *106*, 1-19. 987
25. San José, C.; Cárcel, M.J.; Tejedor, M.T.; Monteagudo, L.V. Microsatellite DNA markers applied to the classification of the Podenco Valenciano canine breed. *Ita. J. Anim. Sci.* **2018**, *17*, 49-52. 988-989
26. Koskinen, M.; Bredbacka, P. Assessment of the population structure of five Finnish dog breeds with microsatellites. *Anim. Genet.* **2000**, *31*, 310-317. 990-991
27. Kardos, M.; Taylor, H.R.; Ellegren, H.; Luikart, G.; Allendorf, F.W. Genomics advances the study of inbreeding depression in the wild. *Evol. Appl.* **2016**, *9*, 1205-1218. 992-993
28. Czyż, K.; Filistowicz, A.; Przysiecki, P.; Vrtková, A.E. Genetic distance between three breeds of dogs based on selected microsatellite sequences. *Anim. Sci. Pap. Rep.* **2016**, *34*, 95-102. 994-995
29. Dzitsiuk, V.; Kruhlyk, S.; Spyrydonov, V. Genetic Analysis German Shepherd Breed Dogs Using Microsatellite Dna Markers. *J. Anim. Breed. Genet.* **2016**, *52*, 166-171. 996-997
30. Harris, A.M.; DeGiorgio, M. An unbiased estimator of gene diversity with improved variance for samples containing related and inbred individuals of any ploidy. *G3: Genes Genom Genet* **2017**, *7*, 671-691. 998-999
31. Tripp Valdez, M.A. Análisis de la estructura poblacional del Dorado en el noroeste del pacífico Mexicano. Phd Thesis. Centro de Investigaciones Biológicas del Noroeste, S.C., Mexico, 2009. 1000-1001
32. Walsh, P.S.; Metzger, D.A.; Higuchi, R. Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *Biotechniques* **1991**, *10*, 506-513. 1002-1003
33. Park, S.D.E. Trypanotolerance in West African cattle and the population genetic effects of selection. PhD Thesis, University of Dublin, Dublin, Ireland, 2001. 1004-1005
34. Belkhir, K. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier, France. 1006-1007
35. Pritchard, J.K.; Stephens, M.; Donnelly, P. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **2000**, *155*, 945-959. 1008-1009
36. Yeh, F. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. *Belgian J. Bot.* **1997**, *129*, 157. 1010-1011

-
37. Raymond, M. Population genetics software for exact test and ecumenicism. *J. Heredity* **1995**, *86*, 248-249. 1012
38. Guo, S.W.; Thompson, E.A. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportion for multiple alleles. *Biometrics* **1992**, 361-372. 1013
1014
39. Wright, S. *Evolution and the genetics of populations: Vol. 2. The theory of gene frequencies*; University of Chicago Press. Chicago, USA, 1969. 1015
1016
40. Reynolds, J.; Weir, B.S.; Cockerham, C.C. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. *Genetics* **1983**, *105*, 767-779. 1017
1018
41. Langella, O. Populations 1.2. 28 (12/5/2002): a population genetic software. CNRS UPR9034. **1999**. 1019
42. Evanno, G.; Regnaut, S.; Goudet, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.* **2005**, *14*, 2611-2620. 1020
1021
43. Earl, D.A.; VonHoldt, B.M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Cons. Gen. Res.* **2012**, *4*, 359-361. 1022
1023
44. Kopelman, N.M.; Mayzel, J.; Jakobsson, M.; Rosenberg, N.A.; Mayrose, I. Clumpak: a program for identifying clustering modes and packaging population structure inferences across K. *Mol. Ecol. Res.* **2015**, *15*, 1179-1191. 1024
1025

Disclaimer/Publisher's Note: The statements, opinions and data contained in all publications are solely those of the individual author(s) and contributor(s) and not of MDPI and/or the editor(s). MDPI and/or the editor(s) disclaim responsibility for any injury to people or property resulting from any ideas, methods, instructions or products referred to in the content. 1026
1027
1028

1029

Breeds Molecular Differentiation: Fine-Tuning of Microsatellite Marker Panels for Accurate Genetic Distinction in Autochthonous Balearic Dog Breeds

Alanzor Puente, J.M.¹; Pons Barro, Á.L.¹; González Ariza, A.²; Concepción Felipe, I.³; Martínez Martínez, M.d.A.³; Delgado Bermejo, J.V.³ and Navas González, F.J.^{3,*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Conselleria d'Agricultura, Pesca i Alimentació, Majorca, Govern Illes Balears, 07009 Palma, Spain.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, Spain.

³ Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, 14071 Córdoba, Spain.

SUMMARY

This study explores the genetic differentiation of autochthonous Balearic dog breeds through the fine-tuning of microsatellite marker panels. Microsatellite markers are utilized to unravel the genetic intricacies within populations, with each marker offering a unique molecular signature. The study investigates the efficacy of these markers in delineating distinct breeds within the Balearic canine population, providing insights into genetic diversity, informativeness, and deviations from Hardy-Weinberg equilibrium. The microsatellite markers examined form a molecular narrative, depicting the genetic tales of Balearic dog breeds. Results reveal specific markers with consistent values, indicating homogeneity within breeds, while others show variability, particularly in breeds with lower genetic diversity. The discussion emphasizes the selection of markers for a comprehensive panel, considering the nuances of genetic diversity in different breeds. The findings contribute valuable insights for breed management, conservation, and selection programs. Acknowledgments extend gratitude to breed associations for their support, enriching the study with essential data. Overall, this research refines our understanding of genetic dynamics in Balearic dog breeds, informing decisions for their sustainable management.

Diferenciación Molecular de Razas: Ajuste Fino de Paneles de Marcadores Microsatélites para una Distinción Genética Precisa en Razas Autóctonas de Perros de Baleares

RESUMEN

Este estudio explora la diferenciación genética de las razas caninas autóctonas de las Islas Baleares a través del ajuste fino de paneles de marcadores microsatélites. Se utilizan marcadores microsatélites para desentrañar las complejidades genéticas dentro de las poblaciones, siendo cada marcador una firma molecular única. El estudio investiga la eficacia de estos marcadores en la delimitación de razas distintas dentro de la población canina de las Islas Baleares, proporcionando información sobre diversidad genética, informatividad y desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg. Los marcadores microsatélites examinados forman una narrativa molecular, representando las historias genéticas de las razas caninas baleares. Los resultados revelan marcadores específicos con valores consistentes, indicando homogeneidad dentro de las razas, mientras que otros muestran variabilidad, especialmente en razas con menor diversidad genética. La discusión enfatiza la selección de marcadores para un panel integral, considerando las sutilezas de la diversidad genética en diferentes razas. Los hallazgos contribuyen información valiosa para la gestión, conservación y programas de selección de razas. Los agradecimientos expresan gratitud a las asociaciones de razas por su apoyo, enriqueciendo el estudio con datos esenciales. En general, esta investigación perfecciona nuestra comprensión de las dinámicas genéticas en las razas caninas baleares, informando decisiones para su gestión sostenible.

ADDITIONAL KEYWORDS

Balearic Islands.
Dog breeds diversity.
DNA microsatellites.
Genetic characterization.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Islas Baleares.
Diversidad de razas caninas.
Microsatélites de ADN.
Caracterización genética.

INFORMATION

Cronología del artículo.
Recibido/Received: 20.08.2023
Aceptado/Accepted: 06.10.2023
On-line: 15.10.2023
Correspondencia a los autores/Contact e-mail:
fjnavas@uco.es

INTRODUCTION

Microsatellite markers, also known as short tandem repeats (STRs), form a crucial component of genetic studies, offering unique insights into the diversity (González 2003) and relationships within populations (Martínez, Vega & Delgado 2019). In the realm of Balearic dog breeds, these microsatellite markers serve

as genetic signposts, guiding researchers through the intricate landscape of canine genomes.

The list of microsatellite markers provided (Aguilera et al. 2022) encompasses a diverse set of loci, each with its own unique repetitive motif. These markers, such as AHT137, AHTh130, and others, are selected for their polymorphic nature (Piqueras 1993), where the

number of repeated units varies among individuals. This polymorphism allows for the creation of distinct genetic profiles, turning each marker into a molecular signature for every dog.

Genetic diversity, a fundamental aspect of population health, is unveiled through the analysis of these markers. The average number of alleles and expected heterozygosity values provide a quantitative measure of the genetic richness within each breed (Levene 1949). The markers, acting as windows into the canine genome, reveal the unique genetic makeup of Balearic dog breeds.

Deviations from Hardy-Weinberg equilibrium (Raymond 1995) observed in some markers hint at the complex interplay of evolutionary forces within these populations. These deviations, whether due to selective pressures, genetic drift, or other factors, add layers of nuance to our understanding of the genetic dynamics at play.

Informativeness, measured through parameters like Polymorphic Information Content (PIC), underscores the utility of these markers in distinguishing between individuals (Serrote et al. 2020). Highly informative markers contribute significantly to the precision of genetic analyses, aiding in the delineation of genetic relationships and the identification of unique genetic traits within each breed.

Beyond the borders of individual breeds, these microsatellite markers weave a genetic tapestry that connects Balearic dog populations. They facilitate the examination of genetic relationships between breeds (Martínez, Vega & Delgado 2019), offering glimpses into shared ancestry and aiding conservation efforts for these distinct canine lineages.

In essence, the microsatellite markers listed stand as molecular storytellers (García et al. 2022), narrating the genetic tales of Balearic dog breeds. Their polymorphic melodies echo the diversity within each breed, their allelic variations paint portraits of individuality, and their deviations from equilibrium unveil the evolutionary dances shaping the genetic landscapes of these remarkable canine populations.

The primary objective of this study is to assess the efficacy of the employed microsatellite marker panel for the differentiation of distinct breeds within the Balearic canine population. This evaluation aims to rigorously scrutinize the selected panel's capacity to discern genetic variations and delineate breed-specific profiles. Through meticulous analysis, we seek to determine the discriminatory power, informativeness, and overall suitability of the microsatellite markers in elucidating breed-specific genetic characteristics. The findings of this assessment will contribute valuable insights into the reliability and precision of the utilized genetic panel for the purpose of breed differentiation within the Balearic dog breeds.

MATERIAL AND METHODS

GENETIC PROFILING OF BALEARIC DOG BREEDS: MICROSATELLITE MARKER INSIGHTS

The studies and reports performed by the Laboratory of Molecular Genetics of the AGR218 group of the

University of Córdoba were used to summarize the information in regards the microsatellite marker panels used to evaluate genetic diversity in dog breeds. This set of Microsatellites is recommended by the International Society of Animal Genetics (ISAG). Table 1 reports information for the set of microsatellites used for the five breeds and breed agroupation autochthonous to the Balearic Archipelago.

UNIDIMENSIONAL TEST OF EQUALITY OF THE MEANS OF THE CLASSES:

A unidimensional test of equality of means was performed to evaluate whether there were significant differences in the averages of a set of specific microsatellite markers among distinct breeds—Ca de Bestiar, Ca de Bou, Podenco Ibicenco or Ibicean Hound, Ca Rater, Ca Mè, and Ca de Conills—. Unidimensional test of equality of means within the ANOVA package of the Modeling data Menu of XLSTAT Version 2014.5.03.

RESULTS

Table I presents a summary of the information about microsatellite markers available across Balearic dog breeds and breed agroupation.

Table II presents the results of unidimensional test of equality of means. The table presents the results of a microsatellite marker analysis, with Lambda (λ), F-statistic (F), and Rank values for each marker. The first group of markers, including AHT137, AHTh130, and others, demonstrates consisten (Goleman et al. 2019)t Lambda and F-statistic values of 0.9664 and 0.9183, respectively, resulting in a top rank of 1. This suggests a high degree of similarity or uniformity in these markers. In the second group, markers like AHTK211 and ATH121 exhibit slightly higher Lambda values (0.9735 to 0.9768) and lower F-statistic values (0.7174 to 0.6277), earning them a rank of 2. The third group, led by AHTK211 with a Lambda of 0.9794, shows a gradual decrease in Lambda and F-statistic values, earning a rank of 4. The last group, characterized by markers such as AHT137 and AHTh130, demonstrates the highest Lambda values (0.9853) and the lowest F-statistic values (0.3947), resulting in a collective rank of 5. These findings suggest potential variations in genetic markers across different groups, providing valuable information for genetic diversity studies.

DISCUSSION

The consistent Lambda (λ) and F-statistic (F) values in the first group of markers suggest a uniform genetic profile among breeds like Ca de Bestiar (CB). The top rank of 1 indicates that these markers can be considered homogenous across this breed (Kardos et al. 2016), offering a potential set of stable markers for genetic characterization. This homogeneity is particularly valuable when aiming to assess high genetic diversity within the Ca de Bestiar breed (Méndez et al. 2011). The low intraracial genetic differentiation (FIS) of 0.021 suggests minimal deviation from Hardy-Weinberg Equilibrium (HWE), further supporting the reliability of these markers for genetic studies (Garrido et al. 1999).

Table I. Microsatellite markers summary of information across Balearic dog breeds and breed agroupation.

Breed/Breed Agroupation	Microsatellites	Alleles (Average)	Allelic Range	Highest Heterozygosity	Lowest Heterozygosity	Observed Heterozygosity Range	PIC Informativeness	Deviations from HWE	Intracial Genetic Differentiation (FIS)	Remarks
Ca de Bestiar (CB)	21	7.05	4 to 11	AHTh130 (0.855)	FH2848 (0.559)	0.563 to 0.915	All markers highly informative, except REN247M23 (moderate, PIC = 0.481)	5 markers	Average FIS = 0.021	High genetic diversity
Ca de Bou (CBOU)	21	5.05	2.5 to 10	CXX279 (0.797)	REN162C04 (0.091)	0.0094 to 0.810	All markers highly informative, except AHTh253, INU030, REN247M23, and REN54P11	-	Average FIS = 0.081	Low genetic diversity
Podenco Ibicenco (PI)	21	5.75	4 to 11	AHTh260 (0.829)	FH2848 (0.348)	0.177 to 0.864	All markers highly informative, except FH2848 and REN54P11	-	Average FIS = 0.200	Moderate genetic diversity
Ca Rater (CR)	33	6.61	2 to 15	0669RD (0.866)	1055RD (0.255)	0.161 to 0.964	All markers highly informative, except INU055	Four markers	Average FIS = 0.044	Moderate genetic diversity
Ca Mè (CM)	21	6.5	4 to 11	AHTh171 (0.859)	INU030 (0.428)	0.372 to 0.824	All markers highly informative, except INU005 and INU030	None	Average FIS = 0.038	Moderate genetic diversity
Ca de Conills (CC)	21	6.60	4 to 10	AHTh121 (0.857)	REN247M23 (0.477)	0.415 to 0.806	All markers highly informative, except REN247M23	Ten markers	Average FIS = 0.048	Moderate genetic diversity

Table II. Summary of results of unidimensional test of equality of means for the microsatellite markers used to assess genetic diversity in dog breeds.

Microsatellite Marker	Lambda	F	Rank
AHT137	0,9664	0,9183	1
AHTh130	0,9664	0,9183	1
AHTh171	0,9664	0,9183	1
AHTh260	0,9664	0,9183	1
FH2848	0,9664	0,9183	1
INRA21	0,9664	0,9183	1
INU030	0,9664	0,9183	1
INU005	0,9664	0,9183	1
ATH121	0,9664	0,9183	1
FH2054	0,9664	0,9183	1
INU055	0,9664	0,9183	1
AHTK253	0,9664	0,9183	1
REN54P11	0,9664	0,9183	1
REN64E19	0,9664	0,9183	1
CXX279	0,9664	0,9183	1
REN105L03	0,9664	0,9183	1
REN162C04	0,9664	0,9183	1
REN169D01	0,9664	0,9183	1
REN169O18	0,9664	0,9183	1
REN247M23	0,9664	0,9183	1
AHTK211	0,9735	0,7174	2
ATH121	0,9735	0,7174	2
AHT121	0,9768	0,6277	3
0669RD	0,9768	0,6277	3
0123RD	0,9768	0,6277	3
0176RD	0,9768	0,6277	3
0323RD	0,9768	0,6277	3
0914RD	0,9768	0,6277	3
0959RD	0,9768	0,6277	3
1055RD	0,9768	0,6277	3
1257RD	0,9768	0,6277	3
1404RD	0,9768	0,6277	3
1878RD	0,9768	0,6277	3
2469RD	0,9768	0,6277	3
2642RD	0,9768	0,6277	3
AHTK211	0,9794	0,5540	4
AHT137	0,9853	0,3947	5
AHTh130	0,9853	0,3947	5
AHTh171	0,9853	0,3947	5
AHTh260	0,9853	0,3947	5
FH2848	0,9853	0,3947	5
INRA21	0,9853	0,3947	5
INU030	0,9853	0,3947	5
FH2054	0,9853	0,3947	5
INU005	0,9853	0,3947	5
INU055	0,9853	0,3947	5
REN54P11	0,9853	0,3947	5

Moving to the second group, markers like AHTK211 and ATH121 exhibit slightly higher Lambda values and lower F-statistic values, resulting in a rank of 2. These markers may serve as indicators of variability within breeds like Ca de Bou (CBOU), characterized by low genetic diversity (Hauser, Athrey & Leberg 2021). The deviation from HWE (average FIS = 0.081) in this breed emphasizes the importance of selecting informative markers that capture specific genetic characteristics, especially when dealing with populations showing lower diversity.

The third and fourth groups, showing a gradual decrease in Lambda and F-statistic values, may be suitable for breeds such as Ca Mè (CM) and Ca de Conills (CC). These breeds exhibit moderate genetic diversity, and the informative markers identified can be instrumental in understanding the underlying genetic structure. The average FIS values of 0.038 and 0.048 for Ca Mè and Ca de Conills, respectively, suggest a moderate level of intraracial genetic differentiation.

The last group, with the highest Lambda values and lowest F-statistic values, is associated with breeds like Podenco Ibicenco (PI), where moderate genetic diversity is observed. The markers in this group may play a crucial role in capturing the unique genetic variations within this breed, as indicated by the observed heterozygosity range (0.177 to 0.864) and average FIS of 0.200 (Koskinen & Bredbacka 2000).

Combining the information from both tables (Tables I and II) reveals insights into selecting markers for a comprehensive panel to assess genetic diversity in dog breeds. In the microsatellite marker analysis, the first group of markers, including AHT137, AHT130, and others, consistently demonstrated Lambda and F-statistic values, making them promising candidates for inclusion in a genetic diversity panel (Scientific & Haeringen 2019). These markers, with a rank of 1, indicate a high degree of uniformity and similarity across breeds like Ca de Bestiar. In contrast, markers in the second group, such as AHTK211 and ATH121, exhibited slightly higher Lambda values and lower F-statistic values, earning them a rank of 2. These markers may capture subtle variations within breeds like Ca de Bou, emphasizing the need for their inclusion in a panel designed for breeds with lower genetic diversity (Sams et al. 2020). However, caution should be exercised in considering markers from the third and fourth groups, characterized by a gradual decrease in Lambda and F-statistic values, as well as the highest Lambda values and lowest F-statistic values. While these markers may be less informative for assessing genetic diversity, they could still offer insights into breed-specific characteristics. Careful selection and combination of markers from different groups would contribute to the creation of a tailored panel (Radko, Rubi & Szumiec 2018), ensuring a nuanced evaluation of genetic diversity in various dog breeds.

CONCLUSIONS

In conclusion, the microsatellite marker analysis provides a nuanced understanding of genetic diversity across different breeds. Tailoring panels based on the

specific characteristics of each breed allows for more accurate and targeted genetic studies, providing valuable insights for breed management, conservation, and selection programs. The information derived from such analyses contributes significantly to the field of animal genetics and aids in making informed decisions for the sustainable management of diverse breeds.

ACKNOWLEDGMENTS

The authors express sincere gratitude to the Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Es-panyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorca, and Club del Ca Mè Mallorca d'Espanya for their invaluable support and collaboration in making public essential insights and data that were eventually used for this study. The commitment and dedication of these organizations to the preservation and promotion of canine breeds in the Balearic Islands have significantly enriched the research, enabling their comprehensive understanding and permitting the evaluation of the genetic dynamics and evolutionary patterns of the breeds and breed groups present in the archipelago. Their expertise and contributions have been instrumental in advancing our knowledge of the breed populations, reflecting their deep commitment to the conservation and welfare of these unique canine breeds.

FUNDINGS

The present research was carried out during the covering period of a Ramón y Cajal Post-Doctoral Contract with the reference MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union "NextGenerationEU"/PRTR.

BIBLIOGRAPHY

- Aguilera, L, Canales, A, Pons, A, Delgado, J & Martínez, A 2022, 'Caracterización genética del Ca Rater Mallorquí con microsatélites', *Archivos de zootecnia*, vol. 71, no. 276, pp. 270-6.
- García, LSA, Vergara, AMC, Herrera, PZ, Puente, JMA, Barro, ÁLP, Dunner, S, Marques, CSJ, Bermejo, JVD & Martínez, AM 2022, 'Genetic Structure of the Ca Rater Mallorquí Dog Breed Inferred by Microsatellite Markers', *Animals*, vol. 12, no. 20, p. 2733.
- Garrido, J, Capote, CB, Morera, L, de Andrés Cara, DF & Barbancho, M 1999, 'Detección de variabilidad genética por microsatélites en el alano español', *Archivos de zootecnia*, vol. 48, no. 181, pp. 63-70.
- Goleman, M, Balicki, I, Radko, A, Jakubczak, A & Fornal, A 2019, 'Genetic diversity of the Polish Hunting Dog population based on pedigree analyses and molecular studies', *Livestock Science*, vol. 229, pp. 114-7.
- González, EG 2003, 'Microsatélites: sus aplicaciones en la conservación de la biodiversidad', *Graellsia*, vol. 59, no. 2-3, pp. 377-88.
- Hauser, SS, Athrey, G & Leberg, PL 2021, 'Waste not, want not: Microsatellites remain an economical and informative technology for conservation genetics', *Ecology and Evolution*, vol. 11, no. 22, pp. 15800-14.
- Kardos, M, Taylor, HR, Ellegren, H, Luikart, G & Allendorf, FW 2016, 'Genomics advances the study of inbreeding depression in the wild', *Evolutionary applications*, vol. 9, no. 10, pp. 1205-18.
- Koskinen, M & Bredbacka, P 2000, 'Assessment of the population structure of five Finnish dog breeds with microsatellites', *Animal Genetics*, vol. 31, no. 5, pp. 310-7.

- Levene, H 1949, 'On a matching problem arising in genetics', *The annals of mathematical statistics*, pp. 91-4.
- Martínez, A, Vega, JL & Delgado, JV 2019, 'Caracterización genética de razas de caza: casos aplicados a Mallorca', *Recerca i gestió dins l'àmbit cinegètic. Mon. Soc. Hist. Nat. Balears*, vol. 28, pp. 115-7.
- Méndez, S, Dunner, S, García, J, de Argüello, S, Crespo, M, Chomón, N, Calderón, L, Sañudo, B & Cañón, J 2011, 'Caracterización del perro de agua del cantábrico', *Archivos de zootecnia*, vol. 60, no. 231, pp. 405-8.
- Piqueras, JF 1993, 'Polimorfismos en el ADN humano', in *Análisis y metodologías en diagnóstico y terapia génica: I reunión científica en biología celular y molecular: [La Coruña, noviembre 1992]*, pp. 9-25.
- Radko, A, Rubiś, D & Szumiec, A 2018, 'Analysis of microsatellite DNA polymorphism in the Tatra Shepherd Dog', *Journal of Applied Animal Research*, vol. 46, no. 1, pp. 254-6.
- Raymond, M 1995, 'Population genetics software for exact test and ecumenicism', *J Heredity*, vol. 86, pp. 248-9.
- Sams, AJ, Ford, B, Gardner, A & Boyko, AR 2020, 'Examination of the efficacy of small genetic panels in genomic conservation of companion animal populations', *Evolutionary applications*, vol. 13, no. 10, pp. 2555-65.
- Scientific & Haeringen, F 2019, "Applied Genetics in Companion Animals", '.
- Serrote, CML, Reiniger, LRS, Silva, KB, dos Santos Rabaiolli, SM & Stefanel, CM 2020, 'Determining the Polymorphism Information Content of a molecular marker', *Gene*, vol. 726, p. 144175.

Enhancing Genetic Diversity Assessment in Endangered Autochthonous Dog Breeds of the Balearic Islands: A Synergy of Pedigree and Molecular-Based Studies

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Antonio González Ariza², María del Amparo Martínez Martínez³, Juan Vicente Delgado Bermejo ³ and Francisco Javier Navas González ^{3,*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Conselleria d'Agricultura, Pesca i Alimentació, Majorca, Govern Illes Balears, 07009 Palma, Spain; janzor@irfap.es (J.M.A.P.); apons@irfap.es (Á.L.P.B.)

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, Spain; an-goarvet@outlook.es (A.G.A.)

³ Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, 14071 Córdoba, Spain; juanvi-agr218@gmail.com (J.V.D.B.); fjnavas@uco.es (F.J.N.G.); ib2mamaa@uco.es (M.d.A.M.M.)

* Correspondence: fjnavas@uco.es ; Tel.: +34-651-679-262

Simple Summary: This comprehensive study delves into the genetic diversity makeup of five dog breeds and a breed aggrupation, offering valuable insights that extend beyond scientific circles to benefit the broader public. The research, encompassing Ca de Bestiar (CB), Ca de Bou (CBOU), Ca de Rater (CR), Podenco Ibicenco (PI), Ca Mé (CM), and Ca de Conills (CC), employs both pedigree and molecular analyses to assess genetic diversity, integrity, and relationships among these breeds. The findings shed light on historical birth trends, revealing peak periods in the early 2000s followed by declines. Notably, CM stands out with higher pedigree integrity and lower inbreeding compared to other breeds. Molecular analysis unveils genetic variations and relationships, emphasizing higher polymorphism in plasma structural proteins. This study considers breed-specific factors in genetic diversity assessments. Understanding the genetic characteristics of these breeds provides valuable insights into their evolutionary patterns, offering potential implications for responsible breeding programs. Furthermore, the study explores correlations between ownership, breeding, and registry data, revealing complex dynamics that prompt further investigation for effective registry management. By unraveling the genetic complexities of these dog breeds, this research contributes to informed decision-making for breeders, owners, and policymakers, ultimately promoting the well-being and sustainability of these beloved canine companions.

Citation: To be added by editorial staff during production.

Academic Editor: Firstname Last-name

Received: date

Revised: date

Accepted: date

Published: date



Copyright: © 2023 by the authors. Submitted for possible open access publication under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

Abstract: This study comprehensively evaluates genetic diversity of the five officially-recognized autochthonous dog breeds and a breed group: Ca de Bestiar (CB), Ca de Rater (CR), Podenco Ibicenco (PI), Ca Mé (CM) and Ca de Conills (CC) from the Balearic Islands using pedigree and molecular analyses. Molecular and pedigree tools synergize for genetic diversity assessment, overcoming precision challenges in small threatened populations with limited genealogical data, which impedes genomic allelic frequency estimation. Birth trends from the early 2000s reveal peaks and subsequent declines, while the pedigree integrity index varies across generations. Genealogical estimators and founder analysis unveil inbreeding coefficients and relationships, with CM exhibiting higher pedigree integrity and lower inbreeding compared to CB and CR. Molecular analysis explores variability and relationships in CB and PI, identifying polymorphic loci and noting higher polymorphism in plasma structural proteins. Paternity exclusion probabilities vary across loci and breeds. The discussion links birth trends to breed recognition, suggesting influences of breed functionality on genealogical data accuracy. The study underscores the importance of breed-specific considerations in genetic diversity assessments, revealing differences among breeds and providing insights into their evolutionary patterns. Correlations between ownership, breeding, and registry data expose complex dynamics, prompting further investigation for effective registry management.

Keywords: Evolution; Pedigree Integrity; Consanguinity Coefficients; Molecular Genetic Evaluations; Paternity Exclusion

1. Introduction

The recognition of five distinct dog breeds in the Balearic Islands – Ca de Bestiar (CB), Ca de Bou (CBOU), Podenco Ibicenco (PI), Ca Rater mallorquín (CR), and Ca Mè (CM) – holds historical significance, officially acknowledged between 2001 [1], and 2004 [2]. Notably, the year 2007 witnessed the formal recognition of a breed aggrupation within the canine family known as the Ca de Conills de Menorca (CC), signifying a continued commitment to preserving the rich diversity of dog breeds in the region. According to the Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO) and its Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS), the five breeds are officially recognized and are classified as indigenous, each possessing a unique local geographical designation, while their risk status remains categorized as unknown.

The transformation in the functional roles of dog breeds over recent years is a compelling narrative. Once primarily regarded as indispensable working animals, each breed tailored to specific tasks such as hunting, herding, guarding, or even engaging in fights, they have undergone a paradigm shift to becoming cherished companions or pets. This transition has not only redefined the purpose of these breeds but has also exerted a profound influence on breeding practices. The emphasis has shifted from utilitarian considerations, such as enhancing functionality, to a focus on the aesthetic aspects of the animals – encompassing general beauty, specific features like coat colour and size, and the popularity of individual specimens. In the scholarly works of researchers like Pedersen, *et al.* [3], there is a consensus that the significance of functionality as a driving force for genetic diversity may have been somewhat eclipsed by more populist considerations, particularly those related to morphological conformation.

Against this backdrop, a meticulous understanding of the genetic information encapsulated in the pedigrees of threatened populations has become paramount. This includes evaluating the state of genetic diversity, understanding population structure, characterizing genetic variability through advanced molecular techniques, and critically assessing the efficacy of conservation and improvement practices. These endeavours represent indispensable tools in the arsenal for developing comprehensive conservation programs tailored to the unique needs of these regional dog breeds.

Pedigree-based strategies emerge as cost-effective alternatives for routine assessments of genetic diversity, population demography, and viability. Their effectiveness pivots on maintaining stringent control over genealogical information, harking back to the establishment of founder base populations. However, challenges arise, ranging from the precision and efficacy of the tools employed, pedigree completeness, to the meticulousness of operators engaged in data collection and recording. Estimates derived from less robust pedigree analyses, characterized by low depth, missing information, errors, and unknown founder relationships, can be fortified by incorporating empirical estimates of kinship derived from genetic markers such as microsatellites or SNPs. This underscores the perpetual need to enhance pedigree robustness, thereby refining the accuracy of genetic parameters.

Budgetary constraints pose a tangible challenge, often impeding the routine application of genomic tools. These limitations may confine the utility of such tools to small threatened populations with limited or non-existent genealogical backgrounds, where the proportion of polymorphic loci is typically meager. The consequence of this could be an incomplete understanding of the allelic frequencies in the historical population, potentially skewing inbreeding inferences due to the impacts of genetic drift. In response, molecular techniques must be complemented by the information found in pedigrees, given

the inability to distinguish between probabilities of identity by descent (IBD) and identity by state (IBS), which becomes increasingly relevant in endangered small population.

This comprehensive exploration endeavours to consolidate the principal studies that have meticulously assessed genetic diversity in the indigenous dog breeds of the Balearic Islands. It underscores the importance of preserving these breeds' unique characteristics, adapting conservation strategies to the changing roles of these animals, and navigating the complex interplay between genetics, breeding practices, and societal preferences.

2. Materials and Methods

2.1. Genetic Evaluation through Pedigree Studies

In pedigree studies conducted on Ca de Bestiar (CB) and Ca Rater mallorquin (CR) [4] and Ca Mè (CM) [5], records provided by their respective associations or clubs were utilized. The analysis of genealogical information and the assessment of genetic diversity were conducted using historical pedigree references and the populations alive at that time for each breed. Diversity and demographic parameters were evaluated using the ENDOG software (v4.8) [6] and the CFC software [7] across all datasets. For CM, the impact of different coat patterns, spot patterns, and fire point markings was also assessed. These pedigree studies were divided into the following phases:

2.1.1. Genealogical Information Analysis

The Pedigree Completeness Index (PCI) was evaluated through tracked maximum, complete, and equivalent generations [8]. The study of genealogical information involved calculating the percentage of known individuals from the first to the fifth generation (from parents to great-great-grandparents). Generational intervals [9] and the average age of parents when producing offspring (whether used for reproduction or not) were calculated for each of the four mating pathways: father to son, father to daughter, mother to son, and mother to daughter.

2.1.1.1. Genetic Diversity Genetic diversity was assessed using the following parameters:

2.1.1.1.1. Genealogical Estimators of Identity by Descent (IBD)

Individual inbreeding coefficient (F) was calculated following Luo [10], individual average relatedness (ΔR) calculated as per Gutiérrez, *et al.* [11], and Coancestry coefficient (C) calculated following Leroy, *et al.* [12]. Individual inbreeding rate (ΔF) for the generation was calculated as suggested by Gutiérrez, Cervantes *et al.* [13]. Individual coancestry rate (ΔC) for the generation was calculated as suggested by Cervantes, Goyache *et al.* [14]. Selective mating rate or the degree of non-random mating was evaluated, as suggested by Solomon [15], to determine deviations from Hardy-Weinberg proportions through its relationship with coefficients of consanguinity, as proposed by Wright [16]. The Genetic Conservation Index (GCI) was calculated according to the descriptions of Oliveira, Brasil *et al.* [17].

2.1.1.1.2. Founder Analysis

The effective number of founders (f_e) and genetic diversity (GD) were calculated as described by Lacy [18], while the effective number of ancestors (f_a) required to explain complete genetic diversity was calculated as described by Boichard, Maignel *et al.* [19], taking into account losses of genetic variability caused by population bottlenecks, as detailed by Santana and Bignardi [20]. The effective number of founder genomes (f_g) was calculated as defined by Lacy [18]

and Caballero and Toro [21]. The number of equivalent subpopulations was calculated as described by Cervantes, Goyache et al. [22].

2.1.1.1.3. Owner and Breeder Relationships

The minimum genetic distance of Nei between breeders was calculated as described by Nei [23].

2.2. Genetic Evaluation based on Molecular Methods (Genetic Markers)

Genetic characterization methods based on biochemical markers have been applied in identity tests and parentage control. Examples of this include studies on variability and genetic relationships based on molecular analysis of biochemical markers among different Spanish dog breeds [24] and the detection of erroneous pedigrees through biochemical polymorphisms in Spanish dog breeds [25]. Samples, including those from two Balearic breeds, CB (46) and PI (71), were collected with EDTA 2NA, and 21 gene loci were analyzed using horizontal gel electrophoresis in starch, polyacrylamide, and agarose-polyacrylamide gels. Five biochemical markers from the erythrocyte system, four markers from the leukocyte system, and twelve markers from the plasma system were analyzed. Polymorphism indicators such as Polymorphism Rate (P), Heterozygosity (H), and Allelism Rate (na) were calculated. Expected genotypic frequencies according to Levene [26] were calculated. Additionally, Wright's Fixation Index (F) [27] was calculated for each polymorphic locus. For the calculation of all statistics and gene frequency values, the BIOSYS-1 program [28] was used. The average probability of excluding the putative paternity of a male through a single system composed of two codominant alleles was calculated as defined by Wiener, Lederer et al. [29].

3. Results

3.1. Genetic Evaluation through Pedigree Studies

Pedigree studies, as reported by Alanzor Puente, Pons Barro et al. [4] for CB and CR breeds, and by Navas, González et al. [5] for CM, have been conducted.

3.1.1. Genealogical Information Analysis In the three studied dog populations, birth peaks occurred in the early 2000s, and from there, birth records have been declining. The highest number of births was 163 in 2007 for CR, 77 in 2005 for CM, and 37 in 2009 for CB. The historical number of complete generations was 1.04 ± 0.62 , 1.04 ± 0.79 , and 2.55 ± 1.04 for CB, CR, and CM, respectively. The historical number of equivalent generations was 0.89 ± 0.99 , 1.50 ± 1.09 , and 4.00 ± 1.45 for CB, CR, and CM, respectively. The pedigree integrity index experienced an average increase per generation of 1.558%, 3.646%, and 8.714% when comparing the historical and reference populations for CB, CR, and CM, respectively. The maximum pedigree integrity index for the fifth generation of the historical population for all breeds was reported by CM with a value of 41.78. The maximum completeness index for the first generation of the reference population was 95.00, 84.88, and 50.33 for CM, CR, and CB, respectively. A summary of the results for parameters related to the pedigree integrity index between historical and reference populations is reported in Table 1.

Table 1. Summary of demographic and offspring analysis parameters in Ca de Rater (CR), Ca de Bestiar (CB) and Ca Mè (CM) historical and Current population sets.

Population Set	Ca de Bestiar (CB)	Ca de Rater (CR)	Ca Mè (CM)
----------------	--------------------	------------------	------------

Parameter	Historical	Current	Historical	Current	Historical	Current
Population size	385	307	1810	1468	660	397
Maximum number of traced generations, n	7	7	8	8	14	5
Pedigree completeness level at 1st generation, (Known parents)	48.96	50.33	77.71	84.88	95	95
Pedigree completeness level at 2st generation, (Known grandparents)	23.05	25.98	41.56	50.80	89.66	94.97
Pedigree completeness level at 3st generation, (Known great-grandparents)	10.13	12.22	17.54	17.54	79.91	87.41
Pedigree completeness level at 4st generation, (Known great-great-grandparents)	4.09	5.13	7.45	8.86	66.15	75.52
Pedigree completeness level at 5st generation, (Known great-great-great-grandparents)	1.43	1.79	2.46	2.87	41.78	47.67
Number of maximum generations (mean±SD)	1.72±2.22	1.96±2.22	2.35±2.09	2.77±2.09	6.34±2.49	7.01±2.49
Number of complete generations (mean±SD)	1.04±0.62	0.57±0.62	1.04±0.79	1.18±0.79	2.55±1.04	2.75±1.04
Number of equivalent generations (mean±SD)	0.89±0.99	0.97±0.99	1.50±1.09	1.74±1.09	4.00±1.45	4.40±1.45

Rest of breeds were not included as no genetic diversity analysis based upon pedigree information has been performed.

197

3.1.2. Genetic Diversity

198

3.1.2.1. Genealogical Estimators of Identity by Descent (IBD)

199

The inbreeding coefficients for the historical and reference populations were 0.27% and 0.34%, 1.15% and 1.41%, and 10.09% and 11.23% for CB, CR, and CM, respectively. Despite these relatively low coefficients, highly inbred animals were recorded in historical and reference populations. The maximum inbreeding percentage reported was 13.38%, 26.41%, and 37.50% for CB, CR, and CM, respectively. The percentage of consanguineous animals was 5.86%, 17.17%, and 79.60% in the reference population for CB, CR, and CM, respectively. The non-random mating rate was -0.01 and -0.01, 0.00 and 0.00, and 0.01 and 0.02 for the historical and reference populations of CB, CR, and CM, respectively. The average coancestry percentage in the historical and reference populations was 0.86% and 0.86%, 1.34% and 1.41%, and 8.79% and 9.35% for CB, CR, and CM, respectively. A summary of the results for the parameters of genealogical estimators of identity by descent for historical and reference populations is reported in Table 2.

200
201
202
203
204
205
206
207
208
209
210
211

Table 2. Summary of identity-by-descent estimators, nonrandom mating rate (α), and genetic conservation index (GCI)

212

Parameter	Population	Set	Ca de Bestiar		Ca de Rater		Ca Mè	
	Historical	Current	Historical	Current	Historical	Current	Historical	Current
	(n=385)	(n=307)	(n=1810)	(n=1468)	(n=660)	(n=397)		
Inbreeding (F,%)	0.27	0.34	1.15	1.41	10.09	11.23		

Average individual increase in inbreeding (ΔF ,%)	0.13	0.16	0.92	1.13	3.36	3.44
Maximum coefficient of inbreeding (%)	13.38	13.38	26.41	26.41	37.50	36.28
Inbred animals (%)	4.68	5.86	13.98	17.17	72.88	79.60
Highly inbred animals (%)	1.30	1.63	3.70	4.77	16.51	32.24
Average coancestry (C,%)	0.86	0.86	1.34	1.41	8.79	9.35
Average relatedness (ΔR ,%)	1.73	1.73	2.49	2.83	17.60	18.71
Nonrandom mating rate (α)	-0.01	-0.01	0.00	0.00	0.01	0.02
Genetic conservation index (GCI)	2.00	2.10	2.98	2.98	6.54	7.04

3.1.2.2. Founder Analysis - CB, CR, and CM

213

The maximum genetic conservation index was reported in the reference population with values of 2.10, 2.98, and 7.04 for CB, CR, and CM, respectively. Genetic diversity was 99.0%, 99.0%, and 96.5% in the reference population for CB, CR, and CM, respectively. The loss of genetic diversity due to genetic drift was 0%, 0%, and 2% in the populations of CB, CR, and CM, respectively. A value of 1%, 1%, and 3.5% was reported for the loss of genetic diversity attributed to bottlenecks and genetic drift for the reference populations of CB, CR, and CM, respectively. The average coefficient of relatedness (kinship) was 1.73%, 24.09%, and 19.00% in the reference population for CB, CR, and CM, respectively. Results for the analysis of genetic origin probabilities, ancestral contributions, and loss of genetic diversity are shown in Table 3. The results of effective sizes calculated through individual inbreeding rate and individual coancestry rate are reported in Table 4. The effective population size calculated through the individual inbreeding rate was 384.62, 54.35, and 14.23 in the historical populations of CB, CR, and CM, respectively. The effective population size through the coancestry rate for historical populations was 28.90, 20.08, and 16.53 for CB, CR, and CM, respectively.

214

215

216

217

218

219

220

221

222

223

224

225

226

227

228

229

Table 3. Summary of the measures of genetic diversity and analysis of the probabilities of genetic origin.

230

Parameter	Reference	Ca de Bestiar (CB)	Ca de Rater (CR)	Ca Mè (CM)
Historical population		385	1810	660
Current population		307	1468	397
Number of founders, n		53	146	32
Effective number of non-founders		171.99	102.51	27.960
Number of founder equivalents (fe)		87.32	66.08	29.090
Effective number of ancestors (fa)		26	36	10
Founder genoma equivalents (fg)		57.92	40.18	14.260

fa/fe ratio	0.30	0.55	0.344
fg/fe ratio	0.66	0.61	0.490
Genetic diversity, GD (%)	99	99	96.5
Genetic diversity loss, GDL (%)	1	1	3.5
Average relatedness (ΔR)	0.02	0.25	0.19

3.1.2.3. Owner and Breeder Relationships

The number of equivalent subpopulations for all population sets was 0.075, 0.370, and 1.162 for CB, CR, and CM, respectively (Table 4). Population structure analysis through Wright's F statistics reported the inbreeding coefficient of an individual concerning the total population (FIT) as -0.006, -0.001, and 0.01 for all populations and criteria considered in CB, CR, and CM, respectively. The inbreeding coefficient of an individual concerning the subpopulation (FIS) varied from -0.390 for CB subpopulations when owner criteria were followed, -0.023 for CR subpopulations when owner location criteria were considered, and -0.07 for CM subpopulations when breeder criteria were followed. The maximum value of the correlation between random gametes drawn from the subpopulation concerning the total population (FST), representing the effect of subpopulations compared to the total population, reached a value of 0.08 for the owner in CM, 0.021 for owner location in CR, and 0.276 for the owner in CB. The analysis of owner and breeder structure revealed that none of them could be considered the core of the population, and none of them can be considered entirely isolated.

Table 4. Statistical results for effective population size calculated based on the individual inbreeding rate, the individual coancestry rate, and the number of equivalent subpopulations.

Parameter	Ca de Bestiar (CB n=385)	Ca de Rater (CR n=1810)	Ca Mè (CM n=660)
Effective population size based on the individual inbreeding rate	384.62	54.35	14.23
Effective population size based on the individual coancestry rate	28.90	20.08	16.53
Number of equivalent subpopulations	0.075	0.37	1.16

3.2. Genetic Evaluation based on Molecular Methods (Genetic Markers)

Studies on variability and genetic relationships between populations based on biochemical markers in CB and PI, reported by Jordana Vidal, Arilla et al. [24] and Jordana i Vidal, Sánchez Bonastre et al. [25], have been conducted.

3.2.1. Levels of Genetic Variability

Out of the 21 gene loci which were analyzed, 38 eletromorph were detected. Using a polymorphism criterion of 95%, ten were found to be monomorphic for all studied populations. Gene frequencies for each polymorphic locus in CB and PI are shown in Table 5, with electrophoretic distribution ranging from two to five electromorphs.

Table 5. Values of the genic frequencies obtained for each one of the polymorphical loci in Ca de Bestiar and Podenco Ibicenco.

Locus	Allele	Ca de Bestiar (CB)	Podenco Ibicenco (PI)
Sod	A	0.967	0.993
	B	0.033	0.007
Lap	A	1.000	0.930
	B	0.000	0.021
	C	0.000	0.049
MPI	A	0.817	0.937
	B	0.183	0.063
Alb	S	0.848	0.529
	F	0.152	0.471
Pep-D	A	0.870	0.958
	B	0.130	0.042
Tf	A	0.000	0.029
	B	0.272	0.257
	C	0.728	0.714
	D	0.000	0.000
	E	0.000	0.000
α_1 -B	S	0.348	0.796
	F	0.652	0.204
Pi-1	S	0.097	0.585
	I	0.033	0.019
	F	0.870	0.366
Prt-1	S	0.054	0.022
	F	0.402	0.630
	D	0.544	0.348

Prt-2	S	0.000	0.007
	F	1.000	0.993
Pa-1	S	0.135	0.675
	F	0.865	0.325

Allelic presentation was similar in the studied breeds. A new electrophoretic variant was observed in the Leucine Aminopeptidase (Lap) system in the PI population, and a high incidence of the Pa-1F allele in the Prealbumin-1 (Pa-1) system in the CB population, with a frequency of 0.865. The studied plasma structural proteins, accounting for 47.62% of the 21 analyzed loci, showed a higher level of polymorphism than the enzymatic systems analyzed, explaining 83.33% of the total polymorphism in the studied populations. Using a single technique, two-dimensional gel electrophoresis in agarose-polyacrylamide gel, five out of eleven polymorphic systems are visualized, explaining 58.10% of the total polymorphism, which is important in the practical application of biochemical polymorphism in identification and parentage control. In Table 6, the levels of variability found in CB and PI are shown.

Table 6. Levels of genetic variability in Ca de Bestiar (CB) and Podenco Ibicenco (PI) (\pm Standard error in parenthesis).

Population	Individuals analyzed by locus	Number of alleles per locus	% of polymorphic loci (criterion of 95%)	Heterozygosides	
				Observed	Expected [31]
Ca de Bestiar (CB)	45.3	1.5	38.1	0.117	0.130
	(0.5)	(0.1)		(0.037)	(0.039)
Podenco Ibicenco (PI)	68.8	1.7	38.1	0.146	0.146
	(1.5)	(0.2)		(0.045)	(0.045)

The polymorphism rate was 38.1% for CB and PI, with an average for the 10 studied breeds of 39.06% and 42.90% in the overall population. The number of alleles per locus (na) was 1.5 ± 0.1 and 1.7 ± 0.2 for CB and PI, respectively. The observed mean heterozygosity per individual (Ho) was 0.117 ± 0.037 and 0.146 ± 0.045 for CB and PI, respectively, with an average of $14.42\% \pm 1.74\%$, and the value of $14.40\% \pm 4.0\%$ in the combined population.

3.2.2. Genetic Structure of Populations

In Table 7, the values of Wright's fixation index [27] are shown, measuring the excess or deficit of heterozygotes in the analyzed population.

Table 7. Obtained values of Wright's fixation index (F) in Ca de Bestiar (CB) and Podenco Ibicenco (PI).

Breed	F
-------	---

Ca de Bestiar (CB)	0.1000
Podenco Ibicenco (PI)	0.0000

The value of Wright's fixation index was 0.1000 and 0.000 for CB and PI, respectively. Taking the average value of Wright's fixation index and considering all loci together, Jordana Vidal, Arilla et al. [24] cannot ensure that these populations are in genetic imbalance for Hardy-Weinberg proportions. If this index is calculated for each polymorphic locus (indicator of the genotypic structure of a specific locus in a given population), the heterozygote deficit (D) for the α -1B system ($p < 0.05$) takes a value of -0.269 in PI, indicating an imbalance for Hardy-Weinberg proportions.

3.2.3. Exclusion of Paternity The maximum probability value of paternity exclusion was 37.28 for the Prt-1 locus for CB and 35.92 for the Pi-1 locus for PI, both with 5 individuals per litter. Average probabilities of detecting pedigree errors for each of the eleven polymorphic loci, whether having one individual or five per litter, along with the combined total probability for CB and PI, are shown in Table 8.

Table 8. Probability of paternity exclusion through the eleven polymorphic systems considered in isolation, when we have a single individual ($m=1$) and when we have five individuals analyzed per litter ($n=5$).

Locus	Ca de Bestiar (CB)		Podenco Ibicenco (PI)	
	m=1	m=5	m=1	m=5
Sod	3.09	5.89	0.70	1.37
Lap	0.00	0.00	6.63	12.38
MPI	12.72	20.73	5.55	10.19
Alb	11.23	18.76	18.71	28.07
Pep-D	10.03	17.09	3.86	7.28
Tf	15.88	24.66	19.01	29.94
α_1 -B	17.54	26.65	13.60	21.86
Pi-1	11.62	20.33	23.70	35.92
Prt-1	24.68	37.28	20.34	31.06
Prt-2	0.00	0.00	0.70	1.37
Pa-1	10.31	17.49	17.12	26.15

The average probability for all studied breeds of detecting incorrect parentage with one analyzed offspring was approximately around 66.47%, with minimum values ranging from 50.77% and 56.78% for CB and PI, analyzing 5 polymorphic systems, and maximum values ranging from 88.55% and 90.88% for CB and PI with 5 offspring per litter and analyzing all 11 polymorphic systems. The combined probability of paternity exclusion

through polymorphic systems, for one and five analyzed offspring per litter, with three possible laboratory methodology options, is shown in Table 9.

Table 9. Combined probability of paternity exclusion through the polymorphic systems studied, in Ca de Bestiar and Podenco Ibicenco. According to one to five offspring per litter, in three possible options of laboratory methodology.

Breed	m=1			m=5		
	(A)	(B)	(C)	(A)	(B)	(C)
Ca de Bestiar (CB)	72.02	50.77	58.59	88.55	69.76	77.22
Podenco Ibicenco (PI)	76.05	56.78	65.00	90.88	74.86	82.38

(A) Combined probability when analyzing the eleven polymorphic systems. (B) Combined probability when analyzing 5 systems (Pi-1, α_1 -B, Prt-1, Prt-2 and Pa-1). (C) Probability combining option B and the Transferrin system.

4. Discussion

To the knowledge of the authors of the present paper, no synergy between of Pedigree Based and Molecular Marker Assisted Genetic Diversity and Population Structure Evaluation Studies has been developed in CBOU and CC until the date. The dog breeds CR, CB, and CM have shown an irregular evolutionary trend in terms of birth numbers, as reported by Alanzor Puente, Pons Barro et al. [4] and Navas, González et al. [5]. Birth peaks coincide with the official recognition of associations by Royal Decree 558/2001 [1], 2001, and APA/807/2004 [2], and with years of increased association activity following recognition, including attendance at fairs and the organization of monographic and morphological contests.

The pedigree integrity levels of CM resemble those reported by Leroy, Rognon et al. [32] for the Pyrenean Shepherd and Bordeaux Mastiff breeds, and were lower for CB and CR, resembling values presented by Cecchi, Bramante et al. [33] for internationally recognized dogs like Labrador, Golden Retriever, and German Shepherd used as guide dogs. These results suggest that control over genealogical information may be influenced by the function to which animals are destined. According to Cecchi, Paci et al. [34] and Leroy, Rognon et al. [32], for animals intended for hunting purposes, knowledge of ancestors is of greater interest, which is not reflected in CR data, as it has long played a more significant role as a pet than a hunting breed.

The progressive increase in genealogical knowledge in all three breeds as generations advance may be attributed to the associations' efforts in data collection. The genealogical knowledge value for CM in the fifth generation differs significantly from CB and CR, potentially indicating that the CM association has put more effort and interest into collecting genealogical data compared to CB and CR. The lower pedigree integrity levels for the fifth generation of CB and CR could suggest that the time since the associations' recognition by the administration (10-15 years) is relatively short for detailed information gathering. The different generation intervals found in CB, CR, and CM may indicate the different aptitudes to which the breeds are dedicated. Dogs used for hunting, such as CM, report longer generations, possibly due to the time breeders take to evaluate animals' performance before selecting their offspring as the next generation's foundation.

Pedersen, Liu et al. [3] suggested that diversity parameters for conformation-type breeds differ from those highly used for performance. Differences in inbreeding and kinship coefficients among the three breeds may indicate the breeds' different activities or functionalities, with lower values for pets and higher values for those used in activities

like hunting, herding, or guarding. All genetic diversity parameters differ statistically among dogs depending on their functionality. The number of equivalent subpopulations for all population sets is below 2, indicating high population structuring, which, according to Fernández, Meuwissen et al. [35], has the advantage of a lower risk of extinction due to possible natural disasters or health-related factors. The relationship values between f_a/f_e fluctuated between 0.3, 0.344, and 0.55 for CB, CM, and CR, respectively, suggesting that the genetic information of founders has been preserved over time, these values were similar to those reported by Leroy, et al. [36]. The study by Voges and Distl [37] showed that the bottlenecks found in dog breeds had a greater impact when they had a lower f_a/f_e ratio, that is, they explained a greater difference between the founders and ancestors. These results show that the genotypes of the founders are still representative in the current populations of BC, CR and CM. The values we have found for all three breeds also suggest that, although bottlenecks have occurred, they have not become acute. Bottlenecks do not necessarily have to lead populations to extinction or salvation, they can manifest themselves in both options, in this sense Navas, Navas, et al. [38] comment that it could have led to both the sanitation of populations and an increase in the threat of extinction. In this context, Broeckx [39] comments that once the reproductive objectives of the dog breed have been defined and the problems for that particular population are identified, the approach always arises from the identification of undesirable phenotypes and the genotype behind them. Mating strategies are usually planned and developed involving certain animals that stand out for a characteristic, either functional or phenotypical, this has occurred for the CM population, but this has not been the case for CR and CB, as indicated by the degree of non-random mating found.

The results of the study by Jordana Vidal, Arilla et al. [24] reveal a loss of polymorphism, a decrease in heterozygosity values, and the number of alleles detected per locus, particularly in CB, with the lowest values in the entire study. CB likely underwent a significant bottleneck, as hypothesized by Guasp [40], describing its near disappearance in the 1960s, with recovery starting in the 1970s from four males and two females. According to Nei [23], the effect of a reduction in population size, implied in cases of significant founder effect and prolonged bottlenecks, often involves the loss of alleles plus a significant reduction in heterozygosity levels.

Differences in allelic composition among populations are primarily due to variations in gene frequency values rather than complete gene substitutions, according to Jordana Vidal, Arilla et al. [24]. The CB, regarding the Prealbumin-1 (Pa-1) system, shows a trend toward fixation of the F allele, not observed in other studied breeds. This can be explained by the bottleneck it experienced at some point in its history [40]. The few individuals that formed the founder core, due to a random effect, would have had the F allele in greater proportions than the S allele, becoming the most common allele. As for the TFA allele, it has been described with very low frequency in several breeds, and for the PI by Jordana Vidal, Arilla et al. [24]. Different hypotheses exist about its appearance, with Stevens and Townsley [41] suggesting independent mutations and Juneja, Reetz et al. [42] proposing introduction through random matings with other members of the Canidae family.

The study by Jordana i Vidal, Sánchez Bonastre et al. [25] indicates that using all systems described in the study increases the probability of error detection. Using 5 offspring per litter also increases the probability. CB is the breed that obtains the worst results for all techniques, although it improves when using 5 offspring per litter, which also occurs in PI, although it has values similar to the other studied breeds. Using all loci significantly raises the costs of using the technique, as described by Jordana i Vidal, Sánchez Bonastre et al. [25].

5. Conclusions

Evolutionary irregularities in birth numbers, correlating with official association recognition, underscore the nuanced nature of breed development. Pedigree integrity diverges, revealing that information control is influenced by intended functions,

particularly noticeable in breeds like CB and CR with roles as pets or hunters. Associations play a pivotal role in accumulating genealogical data over generations, while notable differences in consanguinity coefficients across breeds imply varying levels of genetic relatedness. Pedigree evaluations expose a significant bottleneck in CB's history, contrasting with the resilience of PI. Paternity exclusion studies caution against using all described systems due to the likelihood of error probabilities and high cost, emphasizing the need for balanced techniques and the use of complementary tests to enhance results reliability, especially in respect to the determination of allelic frequency distribution in the original populations and genetic diversity parameters. CB's suboptimal performance in paternity exclusion aligns with its historical challenges, and the cost considerations in employing all loci indicate practical implications for future studies. These findings collectively stress the intricate interplay between historical events, breeding practices, and genetic diversity, emphasizing the imperative of informed conservation programs to sustain and augment breed populations while safeguarding their genetic richness.

Author Contributions:

Conceptualization, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Data curation, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza and Francisco Javier Navas González; Formal analysis, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez and Francisco Javier Navas González; Funding acquisition, Águeda Laura Pons Barro and Juan Vicente Delgado Bermejo; Investigation, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Methodology, José Manuel Alanzor Puente, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez and Francisco Javier Navas González; Project administration, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez and Juan Vicente Delgado Bermejo; Resources, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez and Francisco Javier Navas González; Software, José Manuel Alanzor Puente and Francisco Javier Navas González; Supervision, Águeda Laura Pons Barro, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Validation, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Visualization, Águeda Laura Pons Barro, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González; Writing – original draft, José Manuel Alanzor Puente and Francisco Javier Navas González; Writing – review & editing, José Manuel Alanzor Puente, Águeda Laura Pons Barro, Antonio González Ariza, María del Amparo Martínez Martínez, Juan Vicente Delgado Bermejo and Francisco Javier Navas González. All authors read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: The present research was carried out during the covering period of a Ramón y Cajal Post-Doctoral Contract with the reference MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union "NextGenerationEU"/PRTR.

Institutional Review Board Statement: Not applicable.

Informed Consent Statement: Not applicable.

Data Availability Statement: Data will be made available from corresponding author upon reasonable request.

Acknowledgments: The authors express sincere gratitude to the Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorquí, and Club del Ca Mè Mallorquí d'Espanya for their invaluable support and collaboration in making public essential insights and data that were eventually used for this study. The commitment and dedication of these organizations to the preservation and promotion of canine breeds in the Balearic Islands have significantly enriched the research, enabling their comprehensive understanding and permitting the evaluation of the genetic dynamics and evolutionary patterns of the breeds and breed groups present in the archipelago. Their expertise and contributions have been instrumental in advancing our knowledge of the breed populations, reflecting their deep commitment to the conservation and welfare of these unique canine breeds.

Conflicts of Interest: The authors declare no conflict of interest.

References

1. Spanish Ministry of Agriculture, Fisheries and Food. Royal Decree 558/2001, of May 25, which regulates the official recognition of organizations or associations of purebred dog breeders. «BOE» No. 142, June 14, 2001, pages 21156-21182.
2. APA/807/2004, O. Orden APA/807/2004, de 24 de marzo, por la que se actualiza el anexo del Real Decreto 558/2001, de 25 de mayo, por el que se regula el reconocimiento oficial de las organizaciones o asociaciones de criadores de perros de raza pura. «BOE» No. 77, March 30, 2004, pages 21156-21182.
3. Pedersen, N.; Liu, H.; Theilen, G.; Sacks, B. The effects of dog breed development on genetic diversity and the relative influences of performance and conformation breeding. *J. Anim. Breed. Genet.* **2013**, *130*, 236-248.
4. Alanzor Puente, J.M.; Pons Barro, Á.L.; de la Haba Giraldo, M.R.; Delgado Bermejo, J.V.; Navas González, F.J. Does functionality condition the population structure and genetic diversity of endangered dog breeds under island territorial isolation? *Animals* **2020**, *10*, 1893.
5. Navas, C.M.; González, F.J.N.; López, V.C.; Capellà, L.P.; Fernández, M.G.; Bermejo, J.V.D. Impact of breeding for coat and spotting patterns on the population structure and genetic diversity of an islander endangered dog breed. *Research in Vet. Sci.* **2020**, *131*, 117-130.
6. Gutiérrez, J.P.; Marmi, J.; Goyache, F.; Jordana, J. Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. *J. Anim. Breed. Genet.* **2005**, *122*, 378-386.
7. Sargolzaei, M.; Iwaisaki, H.; Colleau, J.J. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. In Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production: Belo Horizonte-MG, Brazil, MinasCentro Convencion Centre, August 13-18, 2006.
8. Maignel, L.; Boichard, D.; Verrier, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bullet.* **1996**, 49-49.
9. James, J. A note on selection differential and generation length when generations overlap. *Anim. Sci.* **1977**, *24*, 109-112.
10. Luo, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* **1992**, *24*, 305-313.
11. Gutiérrez, J.P.; Royo, L.; Álvarez, I.; Goyache, F. MolKin v2. 0: a computer program for genetic analysis of populations using molecular coancestry information. *J. Heredity* **2005**, *96*, 718-721.
12. Leroy, G.; Mary-Huard, T.; Verrier, E.; Danvy, S.; Charvolin, E.; Danchin-Burge, C. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. *Genet. Sel. Evol.* **2013**, *45*, 1-10.
13. Gutiérrez, J.; Cervantes, I.; Goyache, F. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.* **2009**, *126*, 327-332.
14. Cervantes, I.; Goyache, F.; Molina, A.; Valera, M.; Gutiérrez, J. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *J. Anim. Breed. Genet.* **2011**, *128*, 56-63.
15. Solomon, E.M., C.; Martin, D.W.; Berg, L.R. *Biology*, 10th ed.; Brooks Cole: Boston, Massachusetts, USA. **2015**.
16. Wright, S. *Evolution and the genetics of populations: Vol. 2. The theory of gene frequencies*; University of Chicago Press, London, UK, 1969.
17. Oliveira, R.; Brasil, L.; Delgado, J.; Peguezuelos, J.; León, J.; Guedes, D.; Arandas, J.; Ribeiro, M. Genetic diversity and population structure of the Spanish Murciano–Granadina goat breed according to pedigree data. *Small Rum Res.* **2016**, *144*, 170-175.
18. Lacy, R.C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.* **1989**, *8*, 111-123.
19. Boichard, D.; Maignel, L.; Verrier, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* **1997**, *29*, 5-23.

-
20. Santana, M.L.; Bignardi, A.B. Status of the genetic diversity and population structure of the Pêga donkey. *Trop. Anim. Prod. Health.* **2015**, *47*, 1573-1580. 498
499
21. Caballero, A.; Toro, M.A. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.* **2000**, *75*, 331-343. 500
501
22. Cervantes, I.; Goyache, F.; Molina, A.; Valera, M.; Gutiérrez, J. Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. *J. Anim. Breed. Genet.* **2008**, *125*, 301-310. 502
503
23. Nei, M. *Molecular evolutionary genetics*; Columbia University Press: New York, USA, 1987. 504
24. Jordana Vidal, J.; Arilla, J.P.; Bonastre, A.S. Variabilidad Genética En Diez Razas Caninas Españolas. *Arch. Zootec.* **1991**, *40*, 115-129. 505
506
25. Jordana i Vidal, J.; Sánchez Bonastre, A.; Piedrafita Arilla, J. Probabilidad de detección de pedigrees erróneos mediante polimorfismos bioquímicos en razas caninas españolas. *Clin. Vet. Peq. Anim.* **1990**, *10*, 0067-0072. 507
508
26. Levene, H. On a matching problem arising in genetics. *Ann. Math. Stat.* **1949**, 91-94. 509
27. Wright, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* **1965**, 395-420. 510
511
28. Swofford, D.L.; Selander, R.B. BIOSYS-1: a FORTRAN program for the comprehensive analysis of electrophoretic data in population genetics and systematics. *J. Heredity* **1981**, *72*, 281-283. 512
513
29. Wiener, A.S.; Lederer, M.; Polayes, S.H. Studies in isohemagglutination: IV. On the chances of proving non-paternity: with special reference to blood groups. *J. Immunol.* **1930**, *19*, 259-282. 514
515
30. E Cadieu, M.N., P Quignon, K Walsh, K Chase. Coat variation in the domestic dog is governed by variants in three genes. *Science*, **2009**, *326*, 150-153. 516
517
31. Nei, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* **1978**, *89*, 583-590. 518
519
32. Leroy, G.; Rognon, X.; Varlet, A.; Joffrin, C.; Verrier, E. Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data. *J. Anim. Breed. Genet.* **2006**, *123*, 1-9. 520
521
33. Cecchi, F.; Bramante, A.; Mazzanti, E.; Ciampolini, R. A colony of dog guides: analysis of the genetic variability assessed by pedigree data. *Ita. J. Anim. Sci.* **2009**, *8*, 48-50. 522
523
34. Cecchi, F.; Paci, G.; Spaterna, A.; Ciampolini, R. Genetic variability in Bracco Italiano dog breed assessed by pedigree data. *Ita. J. Anim. Sci.* **2013**, *12*, e54. 524
525
35. Fernández, J.; Meuwissen, T.; Toro, M.; Mäki-Tanila, A. Management of genetic diversity in small farm animal populations. *Animal* **2011**, *5*, 1684-1698. 526
527
36. Leroy, G.; Verrier, E.; Meriaux, J.; Rognon, X. Genetic diversity of dog breeds: within - breed diversity comparing genealogical and molecular data. *Anim. Genet.* **2009**, *40*, 323-332. 528
529
37. Voges, S.; Distl, O. Inbreeding trends and pedigree analysis of Bavarian mountain hounds, Hanoverian hounds and Tyrolean hounds. *J. Anim. Breed. Genet.* **2009**, *126*, 357-365. 530
531
38. Navas, F.; Jordana, J.; León, J.; Barba, C.; Delgado, J. A model to infer the demographic structure evolution of endangered donkey populations. *Animal* **2017**, *11*, 2129-2138. 532
533
39. Broeckx, B.J. The dog 2.0: Lessons learned from the past. *Theriogenol.* **2020**, *150*, 20-26. 534
40. Guasp, A. Pastor Mallorquin o Ca de Bestiar. In Proceedings of the I Simposio Nacional de Razas Caninas Española, Universidad de Córdoba, 19- 21 March, Córdoba, Spain, 1982. 535
536
41. Stevens, R.; Townsley, M. Canine serum transferrins. *J. Heredity* **1970**, *61*, 71-73. 537
42. Juneja, R.K.; Reetz, I.; Christensen, K.; Gahne, B.; Andresen, E. Two - dimensional gel electrophoresis of dog plasma proteins: Genetic polymorphism of an α 1 - protease inhibitor and another postalbumin. *Hereditas* **1981**, *95*, 225-233. 538
539

Disclaimer/Publisher's Note: The statements, opinions and data contained in all publications are solely those of the individual author(s) and contributor(s) and not of MDPI and/or the editor(s). MDPI and/or the editor(s) disclaim responsibility for any injury to people or property resulting from any ideas, methods, instructions or products referred to in the content.

540

541

542

543

Article

Does Functionality Condition the Population Structure and Genetic Diversity of Endangered Dog Breeds under Island Territorial Isolation?

José Manuel Alanzor Puente ¹, Águeda Laura Pons Barro ¹, Manuel Rafael de la Haba Giraldo ², Juan Vicente Delgado Bermejo ² and Francisco Javier Navas González ^{2,*}

¹ Serveis de Millora Agrària i Pesquera (SEMILLA), Producció Agrària del Àrea Tècnica Àgraria, Conselleria d'Agricultura, Pesca i Alimentació, Majorca, Govern Illes Balears, 07009 Palma, Spain; jalanzor@semilla-caib.es (J.M.A.P.); apons@semilla-caib.es (Á.L.P.B.)

² Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, 14071 Córdoba, Spain; gelhagim@uco.es (M.R.d.l.H.G.); juanviagr218@gmail.com (J.V.D.B.)

* Correspondence: fjpg87@hotmail.com; Tel.: +34-651-679-262

Received: 19 September 2020; Accepted: 8 October 2020; Published: 16 October 2020



Simple Summary: Early references to Ca de Rater and Ca de Bestiar endangered autochthonous breeds were witnesses to their exceptional radding/pet and shepherding/guard skills for centuries. Studbooks or associations promote an increase in the number of effectives and their genealogies. Genetic diversity parameters were evaluated along the history of definition of both dog breeds. Guard or hunting purposes condition an increased registration of genealogical information. Hunting animals have more complete genealogies and need more time to select breeding animals. Male guard dogs are preferred over females due to their suitability for guarding. Selection for performance acts as a diversity promoter and breeding policy driver. The uses or purposes for which certain breeds were selected condition the genetic diversity evolution of endangered breeds, even if these share the same geographic isolation conditions.

Abstract: Despite the undefinition of the origins of Ca de Rater (CR) and Ca de Bestiar (CB) dogs, references to these endangered autochthonous breeds highlighted their radding/pet and shepherding/guard skills for centuries. Genealogical historical records were traced back to founders. Founder number in the reference population (146 and 53 for CR and CB, respectively), historical and reference maximum generations traced (eight and seven for CR and CB, respectively), and historical average number of complete generations (1.04 for both breeds) were determined. Structure assessment revealed the existence of subpopulations regarding criteria such as breeders (75 and 17), breeder location (32 and eight), owners (368 and 198), and owner location (73 and 51) for CR and CB, respectively. Average inbreeding (F) within breed subpopulations ranged from 0.27–1.20% for CB breeders and the rest of subpopulation criteria for both breeds, respectively, except for CB owners and owner location. F ranged from 0.27–1.41% for CB historical population and CR current population, respectively. The study of genetic diversity revealed a relatively similar genetic background between subpopulations. Average coancestry between and within breeds suggested a similar evolutionary process. However, Mann–Whitney U test determined significant differences for diversity parameters (F, ΔR , coancestry, nonrandom mating degree, maximum, complete, and equivalent generations, ΔF , and genetic conservation index) between breeds and their functionalities. Conclusively, functionality in dog breeds may determine the genetic diversity evolution of endangered breeds, even when these share the same geographic isolation conditions.

Keywords: radding and hunting; guard and shepherding; functionality; conservation strategies; pedigree-based assessment; population structure

1. Introduction

An analysis of the historical records of the Majorcan Ca de Rater (CR) suggests rather undefined origins [1]. The first references of the CR breed were described by the Archduke Lluís Salvador of Austria [2] around 150 years ago. Contextually, the study of its relationships with other canine populations supports a presumable ancient origin [3] linked to the Egyptian trunk, which derived in a fully functional ratting dog [4]. This labor not only provided the breed with its name—CR or Ratter dog—but also accompanied and defined the connection of the breed with humans until now [4].

The breed definition may have parallelly occurred with the Majorcan repopulations of Valencian towns such as Taberna (Gallinera valley) in the 17th century, who potentially introduced a Majorcan type of dog which fitted the morphology and purposes of a rat terrier [3]. Reciprocally, other authors ascribe a more recent origin of the breed, to the arrival of Valencians in the Albufera (lagoon) of Majorca to grow rice (to the town of Alcudia and its extension to the towns of Muro and Sa Pobla) at the beginning of the 20th century. These new islanders [5] may be responsible for the introduction and cross of their potentially morphologically and functionally affine animals with the individuals of autochthonous Majorcan breeds [4], to exterminate the abundant rats of the area and their detrimental effects on health and crops [1]. In line with this testimony, certain references named the breed as Majorcan fox terrier, potentially suggesting its relationship with an English namesake [1].

Gradually, CR spread across many other Spanish regions [4]. The influences received through the process of conformation and definition of the current population made this dog an exceptional companion animal. However, the main function for which CRs were bred and selected was its greater ability to hunt rats and other nonhunting species [3]. Additionally, the use of CRs in rabbit hunting started to be developed as an attempt to take advantage of their natural instinct toward capturing small mammals or birds. The CR is used to search dirty and river banks where other larger-size hunting breeds cannot access for rabbits, making using of its improved olfactory, sight, and hearing aptitudes, resulting extremely useful in its application for hare coursing, partridge pointing, or thrush retrieving. The breed's reconsideration may be linked to the revalorization of sustainable traditional hunting techniques, agricultural and natural area maintenance, and culture conservation.

Ca de Bestiar (CB) origins are undefined [1]. The first morphological descriptions of the breed date from the 19th century [4]. The oldest references suggest the breed could descend from the so-called Alano or shepherd dog, highlighting its contribution and helpful role to the conquer of Majorca by Jaime I of Aragon [1]. Another hypothesis [4] establishes the origins of the CB as being linked to mastiff dog standards, as described by Archduke Lluís Salvador of Austria [2]. After these mastiffs were introduced to Majorca and crossbred with local breeds, CB reduced its size and its character became relatively less complex, making it suitable for the custody of autochthonous cattle and as a house guardian against unwelcome visitors [4]. CB's current and most relevant application as a shepherd dog to drive all kinds of livestock (sheep, goats, pigs, cows, or even turkeys) conjoins with its role in defending houses against strangers (potentially stemming from its former utilization as a fighting dog). Shepherds used to spend almost all their lives alone in the mountains and needed protection against other dogs and thieves; thus, testing dogs' ability to protect them was a common practice.

Despite the common traditional and popular recognition of both breeds, it would not be until the 1970s when the recovery and orderly breeding of these populations began. During the 1980s, the Board of Native breeds of Majorca implemented programs to promote breed recovery. The Club of Ca de Bestiar was unofficially established in 1978, although the breed standard was not drafted until 1980. The standard established the characteristics and was used as a valid reference for determining both the morphological and the phenoptical adscription of animals to the population and to provide advice on reproduction, which laid the basis for the breed's recovery. The official recognition of the Club of Ca de Bestiar did not occur until 2001, when Royal Decree 558/2001 was published. On the other hand, the Spanish Club of Ca de Rater Mallorquí was set in 1990 but was not officially constituted until 2001 (Royal Decree 558/2001). The standard of the breed was officially recognized in 2004 (APA Order/807/2004). Since then, both breeds have been exposed to a high risk of loss of genetic diversity

resulting from a long process of breeding during which foreign breeds contributed to the loss of their genetic identity from the 1950s [3]. This is a common framework, since, during their definition process, many breeds are characterized by reduced genetic diversity related to a small number of founders. This situation promotes the overrepresentation of the allelic pool of population founders in later generations, as these animals often lay the basis for the breed standard.

Initial stages of breed morphofunctional standardization may promote the cross between close relatives to find and fix the characteristics or qualities that define a breed. This initial mass selection is carried out without considering the possible harmful effects derived from the loss of simultaneous genetic diversity and the increase in other parameters such as inbreeding. Concerns on the potential effects of inbreeding and reduced diversity on health, functionality, and welfare in dog breeds have led to a call for improved genetic management practices [6]. Functionality or the purpose to which breeds are aimed conditions the patterns that drive genetic diversity mechanisms. However, authors such as Pedersen et al. [7] claim that the importance of functionality as a genetic diversity driving agent may have become masked by other more popular factors such as conformation or morphology.

Dog breeds have traditionally been classified depending on their use, which tended to result in some genetically unrelated breeds being grouped together, particularly when dogs of widely different geographical origin were considered [8]. As a result, evaluating the function for which breeds are currently used may virtually enable tracing back modern dog breeds to their origins [7]. Breeds traditionally linked to a certain functional purpose may have evolved in the context of the original use on which the human–animal relationship was built (whether it was ratting, pointing, retrieving, coursing, guarding, shepherding, racing, the hunting of unique types of game, or activities as obscure as bull-baiting or even dog-fighting). The evolution of human necessities changed owner and breeder priorities in terms of which qualities should be considered when selecting animals for their function. This becomes especially patent in equines [9,10] and dogs [7] for which functionality may have played a pivotal role. Breeding practices for conformation replaced better performance criteria due to the displacement of several work breeds to assume a pet role.

When selecting for an enhanced performance, breeding practices may less likely lead to pronounced changes in basic form and function and, hence, in the underlying diversity. Contrastingly, when selecting for conformation, breeding practices may lead to significant changes in the appearance and performance skills of many breeds, sometimes distorted to extremes [7]. Although, this situation may have affected dog breeds through their uses worldwide, certain factors may have acted as mitigators or promoters of genetic diversity processes. In this regard, the contextual situation of dog breeds, their worldwide expansion, or their popularity may determine the conservation patterns to implement. Conditioning factors of genetic diversity, such as functionality, can be decisive in guaranteeing the future of breeds. Detailed genealogical information of endangered populations, their genetic diversity, the evaluation of their population structure, and conservation practices or breeding policies implemented have become indispensable tools for the development of conservation programs, as the value of reproductive individuals is determined considering their ancestry, which strictly confers an economic basis to inbreeding control and mating management.

For these reasons, the objectives of this work were as follows: (1) to study the evaluation of the integrity of the historical pedigree record of CR and CB, controlling the repercussions of the ancestors and founders; (2) to evaluate the current population structure, genetic variability, and the connections between genetic and demographic parameters, measuring the existing genetic flow and quantifying the risk of loss of genetic diversity, evaluating the degree of threat to which each breed is exposed to suggest effective conservation and selection strategies; (3) to analyze whether functional criteria and idiosyncrasies related to functional breeding may have conditioned genetic diversity and population structure throughout the process of isolation and definition of each breed, even when they shared a common territorial niche. This model can act as a tool to assess the degree of endangerment to which dog breeds may be exposed, which may help implementing effective conservation strategies

and selection practices that could be extensible to other populations of dogs and other endangered small populations.

2. Materials and Methods

2.1. Animal Records and Software

The pedigree records used in this study were provided by the Ca de Rater Mallorquí Club (for CR) and by the Associació de Criadors i Propietaris del Ca Pastor Mallorquí—Club del Ca de Bestiar (for CB). The complete pedigree file includes 1810 animals (46.91% sires; 53.09% dams) born between January 1987 and September 2017 for the historical population of CR. Contrastingly, for CB, the historical pedigree file includes 385 animals (49.61% sires; 50.39% dams) born between June 1994 and April 2018. Genealogical information of each dog was traced back to its ancestors and analyzed. Molecular breed assignment analyses were performed to check for breed assignment percentage (breed purity) and to parallelly detect the potential introduction of other breeds to ensure the reliability of our results using the International Society of Animal Genetics (ISAG) Dog core short tandem repeat (STR) panel with 22 markers (Table S1, Supplementary Materials). The Canine ISAG STR Parentage Kit (2014) is an optimized reagent kit for the analysis of the 22 short tandem repeat (STR) loci recommended by the International Society of Animal Genetics (ISAG) in 2014 for canine parentage determination, allowing us to check the validity of the pedigree file. Amplification and genotyping protocols could be consulted in appliedbiosystems [11]. Population structure and genetic diversity evaluation was performed on the historical pedigree information referred to above and on the currently living populations of both breeds (1468 animals—48.23% sires and 51.77% dams—born between May 2001 and September 2017 for CR; 307 animals—50.16% sires and 49.84% dams—born between April 2005 and April 2018 for CB).

Demographic and genetic diversity parameters were evaluated using ENDOG (v4.8) software [12] and CFC software [13] on all datasets.

2.2. Genealogical Information Analysis

The maximum number of offspring per sires and dams and mean offspring number per male or female were computed by evaluating the trends described by birth number during the period that the study comprised. Pedigree completeness index (PCI) was assessed through the maximum, complete, and equivalent number of generations traced [14]. The study of the genealogical information was computed by calculating the percentage of known individuals from the first to the fifth generation (from parents to great-great-grandparents).

2.3. Analysis of Breeding Policies

Generation length [15] and the average age of parents at the birth of their offspring (used for reproduction or not) were calculated for each of the four gametic pathways: sire to son, sire to daughter, dam to son, and dam to daughter.

2.4. Genetic Diversity

Genetic diversity was evaluated through the parameters described below.

2.4.1. Identity by Descent (IBD) Genealogical Estimators

Individual inbreeding coefficient (F) was computed as described by Luo [16], the average relatedness (ΔR) of each individual was computed as described by Gutiérrez and Goyache [17], and coancestry (C) coefficient was computed as described by Leroy et al. [18]. The individual rate of inbreeding ($\overline{\Delta F}$) for the generation was computed as suggested by Gutiérrez et al. [19]. Mean ΔR and F per generation were used to issue linear and quadratic regression equations to describe and predict the evolution of both coefficients up to 15 generations, as suggested by Navas et al. [20].

Regression equations, their graphical depiction, and their comparison between functionalities are shown in Figures 1 and 2.

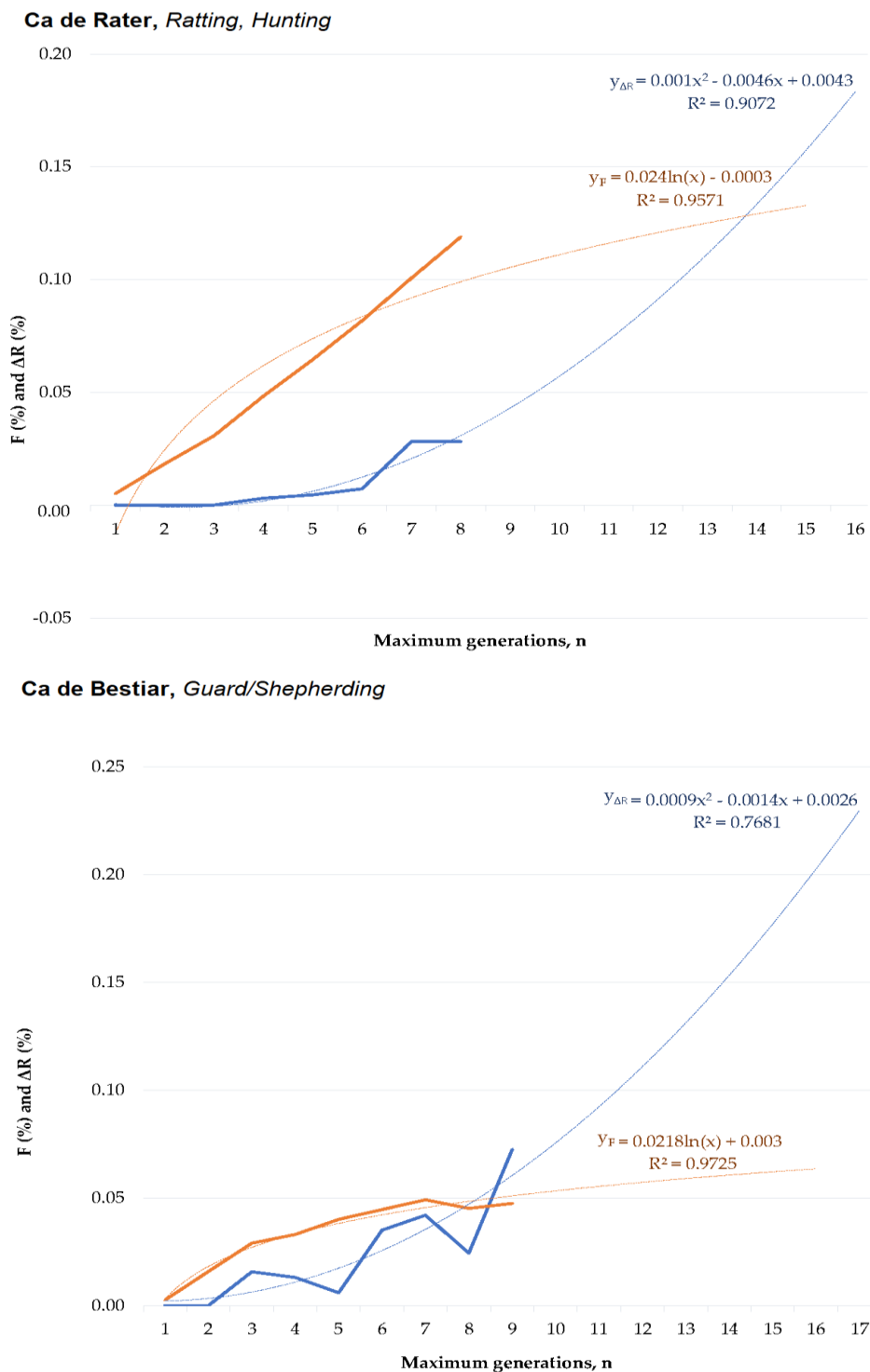


Figure 1. Logarithmic and quadratic regression equations for mean inbreeding (F) and relatedness coefficients (ΔR) from the first to fifth generation and predicted inbreeding (F) and relatedness coefficients (ΔR) from the sixth to 15th generation in the Ca de Rater (CR) and Ca de Bestiar (CB) dog breeds.

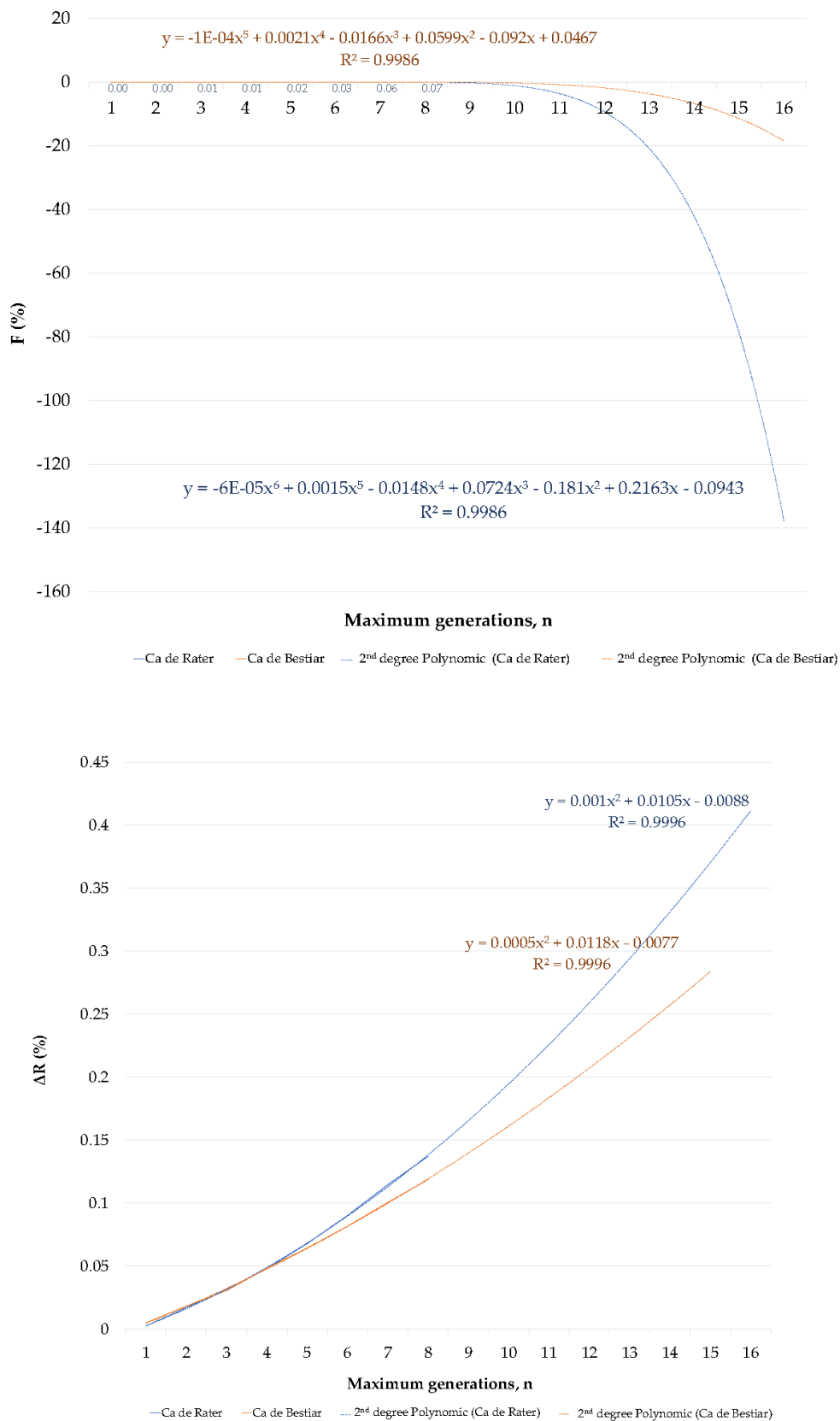


Figure 2. Comparative analysis of quadratic (second-degree polynomic) regression equations for mean inbreeding (F) and relatedness coefficients (ΔR) from the first to fifth generation and predicted inbreeding (F) and relatedness coefficients (ΔR) from the sixth to 15th generation in the Ca de Rater and Ca de Bestiar dog breeds.

The individual rate of coancestry ($\overline{\Delta C}$) for the generation was computed as suggested by Cervantes et al. [21]. Assortative mating rate or nonrandom mating degree [22] was assessed to determine the deviation of mating rates from Hardy–Weinberg proportions through its relationship with inbreeding coefficients as suggested by Wright [23]. GCI (genetic conservation index) was computed according to the descriptions in Oliveira et al. [24].

2.4.2. Founder Analysis

The effective number of founders (f_e) was computed as described by Lacy [25], while the effective number of ancestors (f_a) necessary to explain the complete genetic diversity was computed as described by Boichard et al. [26] to account for the genetic variability losses caused by population bottlenecks [27]. The effective number of founder genomes (f_g) was computed as defined by Lacy [25] as the inverse of twice the population individuals' average coancestry [28]. The expected marginal contribution of each major ancestor j was computed as its expected genetic contribution independent from the contributions of the other ancestors [26]. The contributions to inbreeding of nodal common ancestors (with the largest marginal genetic contributions) were computed according to Colleau and Sargolzaei [29].

The mean effective population size ($\overline{N_e}$) was computed as described by Wright [23] as the size of an idealized population which would give rise to the rate of inbreeding, or the variance change rate in gene frequencies observed in the population. The number of equivalent subpopulations was computed as described by Cervantes et al. [30]. Genetic diversity (GD) was computed as described in Lacy [25]. GD lost in the population since the founder generation was estimated by deducting GD from 1. Unequal founder contributions to GD loss were computed as described by Caballero and Toro [28]. The difference between GD and GD^* indicates the GD loss accumulated since the population foundation [31]. Finally, the effective number of non-founders (N_{ef}) was computed following the premises in Caballero and Toro [28] to describe the relationship between the effective number of founders and founder genome equivalents.

2.4.3. Owner and Breeder Pack Relationships

Nei's minimum genetic distance [32] among breeders, breeders locations, owners, and owner locations were computed to assess interherd relationships. In our case, we evaluated the existence of potential lines when breeders and owners and their locations were considered as the segregation criteria. Dendrograms for owners and breeders for both breeds were constructed using the construct Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic averages (UPGMA) Tree task from the Phylogeny procedure of MEGA X 10.0.5. [33].

2.5. Functionality Impact on Demographic and Diversity Parameters

To evaluate the impact of functionality on demographic and diversity parameters, historical and current populations were subdivided into two groups separately considering each of the breeds and their functionality (CR, ratting/hunting; CB, guard/shepherding).

The Shapiro–Francia W' test (for $5 \leq n \leq 1000$ samples) was performed to study data distribution using the Shapiro–Francia normality routine of the Stata Version 15.0 software. Levene's test was performed to determine the homogeneity of variance across groups using the explore procedure of the descriptive statistics package in SPSS Statistics, Version 25.0, IBM Corp. [34]. As parametric assumptions for diversity parameters were not met (normality and homoscedasticity, $p < 0.05$), Mann–Whitney U and independent median t -tests were performed to detect potential differences in population statistics and diversity parameters between CR and CB breeds, respectively (inbreeding coefficient (F, %), average relatedness coefficient (ΔR), number of maximum generations, number of complete generations, equivalent number of generations, individual increase in mean inbreeding (ΔF , %), and genetic conservation index (GCI)). Mann–Whitney U and independent median t -tests were performed using the independent samples procedure of the nonparametric tests task of SPSS Statistics for Windows, Version 25.0, IBM Corp. [34].

According to Gibbons and Chakraborti [35], the estimated probability of a Type I error was controlled (in the sense of being reasonably close to the attainable level) by the Mann–Whitney test, Student's *t*-test, and independent median *t*-tests when the variances are equal, regardless of the sample sizes. However, it was controlled by the alternate *t*-test (independent median *t*-tests) for unequal variances with unequal sample sizes.

2.6. Publication Ethics Statement

Ca de Rater Mallorquí Club and Associació de Criadors i Propietaris del Ca Pastor Mallorquí—Club del Ca de Bestiar gave their informed consent for the use of pedigree data before the study was performed. As biological samples were not taken, further permission was not necessary. The study was conducted in accordance with the Declaration of Helsinki. The Spanish Ministry of Economy and Competitiveness through Royal Decree Law 53/2013 and its credited entity, the Ethics Committee of Animal Experimentation from the University of Córdoba, permitted the application of the protocols presented in this study as cited in the fifth section of its second article, as the animals assessed were used for credited zootechnical use. This national Decree follows European Union Directive 2010/63/UE, from 22 September 2010.

3. Results

3.1. Genealogical Information Analysis

Two historical birth peaks occurred for both breeds: from 2002 to 2003 and from 2007 to 2008 in CR; in 2007 and in 2009 in CB. However, a drastic reduction in the number of births of the CR breed was observed from 2008 onward. Such a drastic reduction was not observed for the CB breed. The average historical number of births was 58 and 16 and the years for which the highest number of births were registered were 2007, and 2007 and 2009 (163 and 37 births) for CR and CB, respectively. However, after 2011 there was a progressive decrease in the number of births in the CR breed which never reported the minimum levels reached during the 1987–1997 period. Contrastingly, despite CB presenting remarkable fluctuations in the number of births across years, the highest values found for 2007 and 2009 (37) were never reached again in the history of the breed. For CB, the trends were maintained in time and the values never fell below those for the period from 1994–2001. The historical number of complete generations in the last decade was 1.04 ± 0.79 and 1.04 ± 0.62 , for CR and CB, respectively. The historical number of equivalent generations was 1.50 ± 1.09 and 0.89 ± 0.99 for CR and CB, respectively. The completeness index of the pedigree experienced a mean increase per generation of 3.646% and 1.558% when the historical and current populations for CR and CB were compared, respectively. The minimum index of completeness of the pedigree was reached for the fifth generation (percentage of great-great-grandparents known) of the historical population for both breeds, with CR reporting a 1% higher value than CB. In contrast, the maximum completeness index was reached for the first generation (known parents) for both breeds with CR reporting almost 34% higher values than CB. The summary of the results for pedigree completeness index-related parameters between the historical and current populations for both breeds are reported in Table 1. The historical maximum progeny per male was 117 and that per female was 39 in CR, while the same parameters reached values of 18 and 16, respectively, for CB. These numbers reduced to 72 and 33 per male and female, respectively, in the current population of the CR, while historical values remained constant for the current population of CB. The average progenies per male were 1.66 and 1.13 in the CR historical population and reference population, respectively. These values were reduced to 1.00 and 0.81 in the CB historical and reference populations, respectively. Contrastingly, the average progenies per female were 1.45 and 1.00 in the CR historical population and reference population, respectively. These values were reduced to 0.96 and 0.67 in the CB historical and reference populations, respectively. The proportion of females per male was 1.13/1 and 1.05/1 and 1.02/1 and 0.99/1, for historical and current populations in CR and CB, respectively. The progeny of males selected for breeding was around 40–45% in historical and

current populations of CB, with the exception of progeny of males selected for breeding in the current population, which was reduced to half this value (21.54%) in the historical and reference populations. Slightly lower values were found for the CR breed, which were around 15% to 18% for the progeny of males and females selected for breeding in the historical and current populations. Progeny analysis results for all studied population subdivisions are presented in Table 1.

Table 1. Summary of demographic and offspring analysis parameters in Ca de Rater and Ca de Bestiar historical and current population sets.

Parameter	Population Set		Ca de Rater	
	Historical	Current	Historical	Current
Population size	385	307	1810	1468
Maximum number of traced generations, <i>n</i>	7	7	8	8
Pedigree completeness level at 1st generation, (known parents)	48.96	50.33	77.71	84.88
Pedigree completeness level at 2nd generation, (known grandparents)	23.05	25.98	41.56	50.80
Pedigree completeness level at 3rd generation, (known great-grandparents)	10.13	12.22	17.54	17.54
Pedigree completeness level at 4th generation, (known great-great-grandparents)	4.09	5.13	7.45	8.86
Pedigree completeness level at 5th generation, (known great-great-great-grandparents)	1.43	1.79	2.46	2.87
Number of maximum generations (mean ± SD)	1.72 ± 2.22	1.96 ± 2.22	2.35 ± 2.09	2.77 ± 2.09
Number of complete generations (mean ± SD)	1.04 ± 0.62	0.57 ± 0.62	1.04 ± 0.79	1.18 ± 0.79
Number of equivalent generations (mean ± SD)	0.89 ± 0.99	0.97 ± 0.99	1.50 ± 1.09	1.74 ± 1.09
Male %	49.61	50.16	46.91	48.23
Mean number of puppies per male, <i>n</i>	1.00	0.81	1.66	1.13
Maximum number of puppies per male, <i>n</i>	18	18	117	72
Average age of male in reproduction, years	14.78	14.09	14.30	13.61
Female %	50.39	49.84	53.09	51.77
Mean number of puppies per female, <i>n</i>	0.96	0.67	1.45	1.00
Maximum number of puppies per female, <i>n</i>	16	16	39	33
Average age of female in reproduction, years	13.16	12.32	14.91	14.07
Female/male ratio	1.02/1	0.99/1	1.13/1	1.05/1
Progeny from male selected for breeding, %	39.13	21.54	14.86	15.29
Progeny from female selected for breeding, %	44.00	40.54	17.74	18.22

The average age of the males and females in reproduction was very similar (~14 years) for the historical and reference populations of both breeds. Generation length was 3.94 and 3.93 years and 3.09 and 4.04 for the historical and reference populations of CR and CB, respectively. The lowest values reported for generation interval were 3.76, 3.63, and 2.70 for the gametic routes of sire to son and dam to son in the historical populations and sire to daughter in the current populations of the CR and CB, respectively (Table S2, Supplementary Materials). Table S2 suggests that the mean age (years) of the parents at the birth of their offspring for the four gametic routes in both breeds was around 4. A summary of the demographic and offspring statistics derived from the analysis of the pedigree of the two breeds is reported in Table 1.

3.2. Genetic Diversity

3.2.1. Identity by Descent (IBD) Genealogical Estimators

Inbreeding coefficients for the historical and current populations were 1.15% and 1.41% and 0.27% and 0.34% for CR and CB, respectively. Despite these relatively low coefficients, highly inbred animals were recorded in the historical and current populations. The maximum percentage of inbreeding (26.41%) was reported for the historical and current populations of CR. CB reached half the value reported for CR in both populations (13.38%). The percentage of inbred animals was 1–2-fold higher in the historical and current populations of CR compared to CB (Table 2). Nonrandom mating rate was 0.00 and –0.01 for the historical and reference populations of CR and CB, respectively, as shown in Table 2.

Table 2. Summary of identity-by-descent estimators, nonrandom mating rate (α), and genetic conservation index (GCI).

Parameter	Ca de Bestiar		Ca de Rater	
	Historical ($n = 385$)	Current ($n = 307$)	Historical ($n = 1810$)	Current ($n = 1468$)
Inbreeding (F, %)	0.27	0.34	1.15	1.41
Average individual increase in inbreeding (ΔF , %)	0.13	0.16	0.92	1.13
Maximum coefficient of inbreeding (%)	13.38	13.38	26.41	26.41
Inbred animals (%)	4.68	5.86	13.98	17.17
Highly inbred animals (%)	1.30	1.63	3.70	4.77
Average coancestry (C, %)	0.86	0.86	1.24	1.41
Average relatedness (ΔR , %)	1.73	1.73	2.49	2.83
Nonrandom mating rate (α)	-0.01	-0.01	0.00	0.00
Genetic conservation index (GCI)	2.00	2.10	2.98	3.32

The average coancestry in the historical and reference populations was 1.24% and 1.41%, respectively, for CR, while it was 0.86% for the historical and reference populations of CB.

3.2.2. Founder Analysis

The results for the analysis of probabilities of gene origin, ancestral contributions, and the loss of genetic diversity are shown in Table 3. GCI reported values around 3 for historical and current populations of CR and values of 2 for historical and current populations of CB (Table 2).

Table 3. Summary of the measures of genetic diversity, genetic diversity loss, and analysis of the probabilities of genetic origin.

Parameter	Reference	Ca de Bestiar (Both Parents Known) ($n = 180$)	Ca de Rater (Both Parents Known) ($n = 1367$)
Historical population		385	1810
Current population		307	1468
Base population (one or more unknown parents)		205	443
Actual base population (one unknown parent = half-founder)		196.50	403.50
Number of founders, n		53	146
Number of ancestors, n		61	148
Effective number of non-founders (Nef)		171.99	102.51
Number of founder equivalents (fe)		87.32	66.08
Effective number of ancestors (fa)		26	36
Founder genome equivalents (fg)		57.92	40.18
fa/fe ratio		0.30	0.55
fg/fe ratio		0.66	0.61
Genetic diversity, GD		0.99	0.99
Genetic diversity loss, GDL		0.01	0.01
Genetic diversity in the reference population considered to compute the genetic diversity loss due to the unequal contribution of founders, DG		0.99	0.99
GDL due to bottlenecks and genetic drift since founders (GBDr)		0.01	0.01
GDL due to genetic drift since founders (GDr)		0	0
GDL due to unequal founder contributions		0.01	0.01
Ancestors explaining 25% of the gene pool (n)		4	5
Ancestors explaining 50% of the gene pool (n)		10	13
Ancestors explaining 75% of the gene pool (n)		21	36
Average individual increase in inbreeding (ΔF)		0	0.01
Average relatedness (ΔR)		0.02	0.25

Genetic diversity was around 99% in both breeds. The lowest value was reported for CR, although the differences with CB were not remarkable (98.76%), which was the population for which genetic diversity loss was consequently slightly greater. The loss of genetic diversity due to genetic drift was 0.5% and 0.3% in CR and CB populations, respectively. A value of 1.24% and 0.9% was reported for the genetic diversity loss that could be attributed to bottlenecks and genetic drift for the CR and CB reference populations (Table 3).

The average relatedness (kinship) coefficient was 24.09% and 1.73% in the CR and CB reference populations. For the CR, considering the marginal genetic contributions of ancestors, a single ancestor (identification number 138) explained 9.25% to 14.13% of the genetic pool of the historical population and 8.97% to 13.55% of that of the current population. Contrastingly, for CB, marginal genetic contributions of a single ancestor (identification number 202) explained 9.77% to 15.89% of the genetic pool of the historical population and 4.42% to 8.37% of that of the current population. Additionally, 15 and 31 individuals explained 50% of the gene pool of the current and historical populations of CR and CB, respectively.

Results for effective sizes calculated through the individual inbreeding rate and individual coancestry rate are reported in Table 4. Effective population size calculated through the individual inbreeding rate was 54.35 and 384.62 in the CR and CB historical populations. Comparatively, the effective sizes of the population calculated through the individual coancestry rate of the CR and CB historical populations were 20.08 and 28.90, respectively.

Table 4. Statistical results for effective population size calculated on the basis of the individual inbreeding rate, the individual coancestry rate, and the number of equivalent subpopulations.

Parameter	Ca de Bestiar Historical (<i>n</i> = 385)	Ca de Rater Historical (<i>n</i> = 1810)
Effective population size based on the individual inbreeding rate	384.62	54.35
Effective population size based on the individual coancestry rate	28.90	20.08
Number of equivalent subpopulations	0.075	0.37

3.2.3. Owner and Breeder Pack Relationships

A total of 67,161 and 19,306 Nei's genetic distances were considered when the stratification criterion was the owner for CR and CB, respectively. The average Nei's genetic distance was 0.103 and 0.274 for CR and CB owners, respectively. Contrastingly, for breeder, breeder location, and owner location this parameter was 0.074 and 0.038, 0.021 and 0.042, and 0.025 and 0.072 for CR and CB, respectively. The number of equivalent subpopulations for all population sets was 0.370 and 0.075 for CR and CB, respectively (Table 4). The average numbers of CRs per breeder, breeder location, owner, and owner location were 24.133, 56.563, 4.919, and 24.795, respectively, while the average numbers of CBs per breeder, breeder location, owner, and owner location were 22.647, 12.031, 1.944, and 7.549, respectively. The mean coancestry within the subpopulations for CR breeder, breeder location, owner, and owner location was 0.086, 0.050, 0.116, and 0.034, respectively. For CBs, the mean coancestry within the subpopulations for breeder, breeder location, owner, and owner location was 0.051, 0.034, 0.283, and 0.080, respectively (Table 5).

Table 5. Summary of Wright’s fixation statistics.

Parameter	Ca de Bestiar				Ca de Rater			
	Breeder	Breeder Location	Owner	Owner Location	Breeder	Breeder Location	Owner	Owner Location
F_{IS} (inbreeding coefficient relative to the subpopulation)	−0.051	−0.0323	−0.390	−0.084	−0.082	−0.041	−0.118	−0.023
F_{ST} (correlation between random gametes drawn from the subpopulation relative to the total population)	0.0427	0.0255	0.276	0.072	0.075	0.0383	0.105	0.021
F_{IT} (inbreeding coefficient relative to the total population)	−0.006	−0.006	−0.006	−0.006	−0.001	−0.001	−0.001	−0.001
Mean inbreeding within subpopulations	0.0027	0.0027	0.003	0.003	0.012	0.012	0.012	0.012
Mean number of animals per subpopulation	22.647	12.031	1.944	7.549	24.133	56.563	4.919	24.795
Total Nei’s genetic distance	120	21	19306	1225	2701	465	67161	2556
Average Nei’s genetic distance	0.042	0.025	0.274	0.072	0.074	0.038	0.103	0.021
Mean coancestry within subpopulations	0.051	0.034	0.283	0.080	0.086	0.050	0.116	0.034
Autocoancestry	0.501	0.501	0.501	0.501	0.506	0.506	0.506	0.506
Mean coancestry in the metapopulation	0.009	0.009	0.009	0.009	0.013	0.013	0.013	0.013
Subpopulations	17	8	198	51	75	32	368	73

Mean coancestry in the metapopulation and autocoancestry reported values of 0.013 and 0.506 for all population subdivisions (breeder, breeder location, owner, and owner location) for CR, while these values were 0.009 and 0.501, respectively, for all population subdivisions (breeder, breeder location, owner, and owner location) for CB. The analysis of population structure through Wright’s F statistics (Table 5) reported that the inbreeding coefficient of a certain individual with respect to the total population (F_{IT}) was -0.001 and -0.006 for all subpopulations and criteria considered. The coefficient of inbreeding of an individual with respect to the subpopulation (F_{IS}) varied from -0.390 for the subpopulations of the CB breed when the owner criterion was followed to a maximum of -0.023 for the subpopulations of CR when the owner location criterion was considered (Table 5). The correlation between random gametes drawn from the subpopulation relative to total population (F_{ST}), i.e., the effect of the subpopulations compared to the total population, reached a maximum value of 0.276 for the owner subdivision or stratification criterion in CB and a minimum of 0.021 for the owner location subdivision or stratification criterion in CR.

The analysis of the structure of owners and breeders revealed that none of them could be considered as the nucleus of the population. We found that 100% of owners used foreign sires in both breeds, and none of them could be considered totally isolated. In total, 173 owners used the maximum percentage of own parents (66.67%) for CB, while 315 owners used the maximum percentage of own parents (25.00%) for CR.

In total, 29 pairs of owners of CRs presented the longest genetic distance, which was 0.547. On the other hand, 236 pairs of owners of CBs were distanced by the longest genetic distance (0.508). Figures S1 and S2 display four dendrograms representing all the relationships between populations considering the criteria of owner and breeder for both CR and CB breeds. Breeder dendrograms match the patterns of the initial part of each owner dendrogram, as they constitute the basis from which the population of each breed was historically derived. Figure 3 represents the connection between breeder territorial areas. In the case of CR, two main currents could be observed. The first went from the north of Majorca to the southwest, while the second horizontally crossed the island, forming a bidirectional flux from east to west and vice versa. For CB (Figure 3), an ascending current was formed from the southeastern region of the island upward. This flux of animals would later cross the island diagonally, ending in two locations in the southwestern territories of Majorca, thereby depicting a remarkably more disperse distribution than that shown by CR breeder structure.



Figure 3. Breeder location connection maps for Ca de Rater and Ca de Bestiar breeds.

3.3. Functionality Impact on Demographic and Diversity Parameters

Table S3 (Supplementary Materials) shows a summary of the descriptive statistics of genetic diversity population parameters for historical and current populations of CR and CB breeds. The outputs derived from Mann–Whitney U and independent median *t*-tests (Table S4, Supplementary Materials) report that all genetic diversity population statistics differed between functionalities.

4. Discussion

The number of births recorded in the pedigree of CR and CB dog breeds describes an irregular evolutionary tendency (Figure 4). The two peaks in the number of births in CR took place after the official recognition by the Ministry of Agriculture and Fisheries of the Balearic Government that occurred on 28 December 2002 (in 2003 and 2007). This 2007 peak coincides with the first peak of CB, followed by a second peak in 2009. During these years, the activity of these associations was increased by morphological and monographic competitions to publicize their activity and promote the autochthonous breeds of the archipelago, which may explain such an increase.

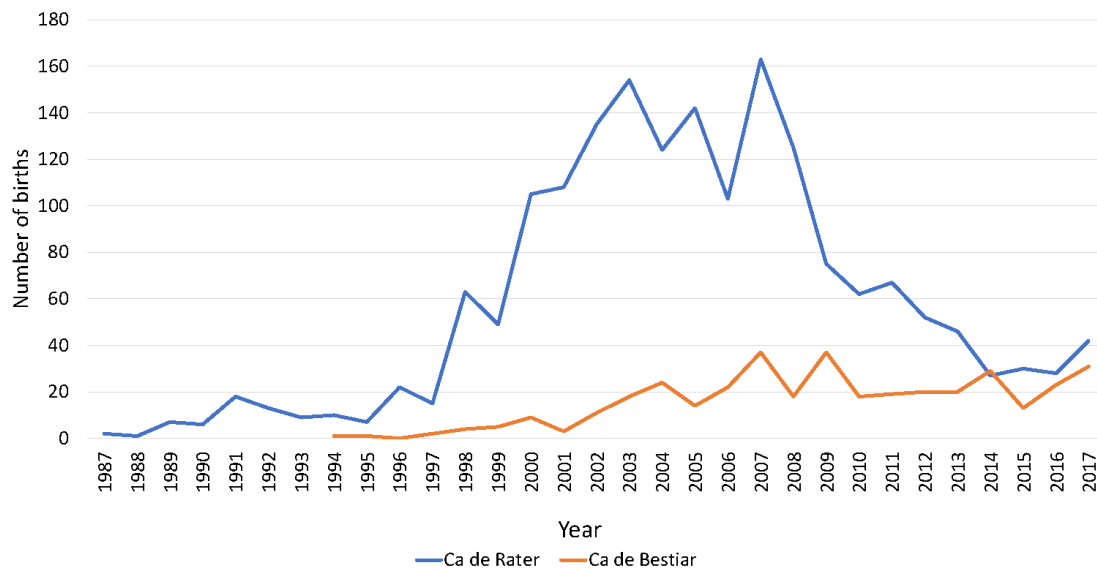


Figure 4. Birth number evolution from 1987 to 2018 for Ca de Rater and Ca de Bestiar dog breeds.

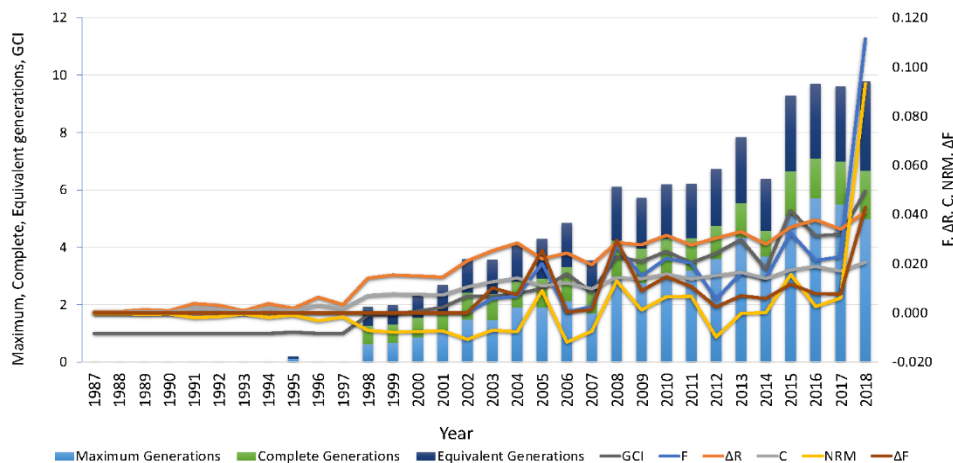
Pedigree completeness levels were lower than those reported by Leroy et al. [36], who reported common approximate levels for the fifth generation of 100% for internationally recognized breeds (not isolated nor endangered). The lower levels found in the autochthonous breeds in this study may derive from their endangered status and the lack of genetic management occurring in both breeds, as official structures were recognized relatively recently. Contrastingly, our results for PCI (around 60%) may be in line with those of Cecchi et al. [37] for animals belonging to internationally recognized dogs such as Labrador, Golden Retriever, and German Shepherd used as guide dogs. These results suggest the collateral application of certain breeds to purposes that may differ from their consideration as pets, which may condition genealogical information registration from these animals, as, in the latter, other factors, such as conformation, may potentially be rather highly considered.

The low PCI levels found contrasts the levels reported for the common context of dog breeds that are internationally recognized, which may enjoy greater worldwide popularity. Contextually, the low PCI levels for the fifth generation may derive from the fact that genetic management programs of both breeds are still in their first stages of development. The conservation strategies implemented in both breeds started with a low number of effectives on which to support management structures (studbook, association, among others) which are only around 10 to 15 years old, even if a great breeding tradition of these breeds can be found in the archipelago prior to the recognition of the breed [36]. This may be supported by the fact that the mean number of equivalent generations was maintained over time, as suggested by Marin et al. [38].

Maximum, complete, and equivalent generations in CB were significantly lower than the values reported for CR (Tables S3 and S4, Supplementary Materials; Figure 5). The mean number of equivalent generations (EqG) for both breeds was lower than that observed for Italian Bracco by Cecchi et al. [39], for the Braque Français type Pyrénées by Cecchi et al. [40], and for Ca Mè by Marin et al. [38],

with the latter sharing the same territorial isolation conditions as the breeds in our study. The latter breeds differed from those in our study in terms of their hunting application in comparison to the ridding/domestic and shepherding/guard applications of CR and CB, respectively, which may have conditioned the results. In line with our results, the study by Leroy et al. [36] reported similar EqG in breeds of a renowned shepherding/guard background to those reported for the upper limit found for CB.

Ca de Rater, Rattling/Hunting



Ca de Bestiar, Guard/Shepherding

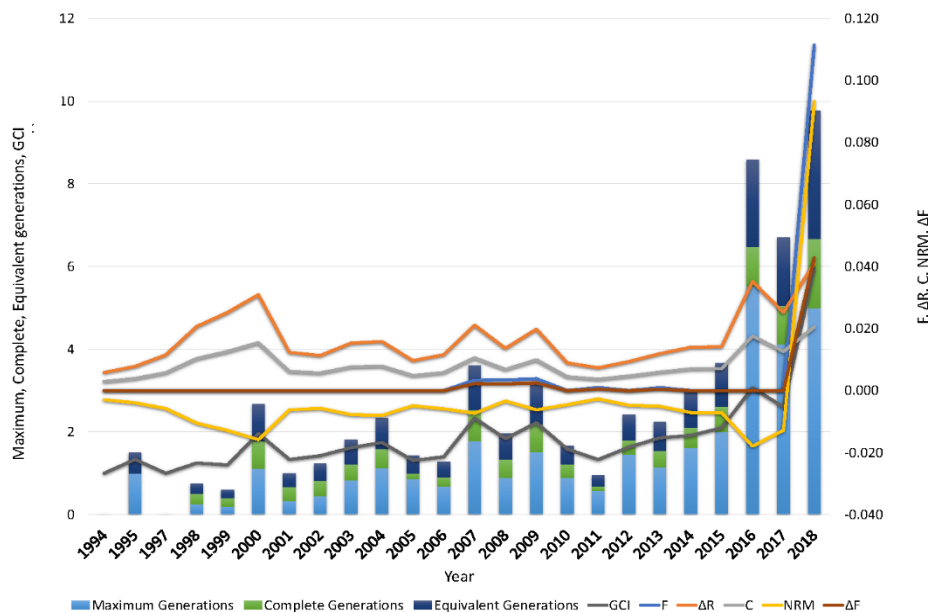


Figure 5. Trends for identity by descend estimators (F, C, ΔF), ΔR, nonrandom mating degree (NRM), and genetic conservation index (GCI) from 1987 to 2018 for Ca de Rater and Ca de Bestiar dog breeds.

Breeder dendrograms lay the historical basis of owner dendrograms; hence, breeder pack structures can be inferred to build the skeleton of the owner pack network (Figures S1 and S2). Both breeds were predominant around the center of the island as opposed to the coastal areas, since it is in these zones where their functional aptitude, linked to production systems (cattle herding and privately owned preserves) and occupational habits of the population (vacation houses), extends.

Generation intervals resembled the values found by Leroy et al. [34] for Basset fauve de Bretagne, French Bulldog, Dogue de Bordeaux, Barbet, Berger des Pyrénées, Beauceron, Epagneul Breton, and Pyrenean Mountain Dog and were somehow lower than those found by Leroy et al. [41] and Cecchi et al. [40] for the breeds recognized by Fédération Cynologique Internationale (FCI). Hunting dogs reported the longest generation intervals, which may be based on the time that breeders take to test the performance of animals before choosing their offspring for the next generation [38]. Guard dogs [36] on average reported similar values of ~5, which were similar to those found in the current population of CB. Shorter generation intervals for French Bulldog and CR may be related to their application as pets, which may make performance testing a secondary or irrelevant position.

In general, mean generation intervals were slightly longer for male offspring (via both sire and dam) than for female offspring, with the highest value being reported for the gametic pathway of sire to son for the current population of CB, which may derive from the higher number of male dogs than female dogs whose age at the birth of their offspring was above the mean. A certain preference for dogs of a particular sex has been reported and may be based on a perceived dimorphic superiority in some desired traits, which may condition the time taken by breeders to determine the validity of a certain animal as a mating animal. For instance, males have normally been reported to be bolder, higher driven, and more aggressive than females, who tend to learn faster, be somehow less territorial, and more biddable. Differences in boldness and shyness are acknowledged predictors of performance in working dogs, with bolder animals being the better performers [42]. Boldness is an individual characteristic providing less aversion to risk or novelty that enables the individual actively seeking out and engaging in social cooperative and competitive interactions [43]. This mirrors the recently reported opinions of working farm dog handlers, who identified boldness in their dogs as a desirable trait. By contrast, although it is possible that male and female dogs may differ in boldness, there is limited evidence of sex differences in the herding style of working farm dogs [44].

The policies of breeders denote the use of certain males or females which may be more popular among the individuals in the population. Contextually, having a low replacement rate could contribute to generation elongation which has been reported for other endangered dog or equine breeds [20]. Both species, equines and canines, may share certain similarities with respect to the over-consideration of the value provided to ancestors and the conditioning effect of such ancestral value on the relevance of the individuals in the current population.

A slightly higher number of females than males selected for breeding was reported in both breeds. However, female to male ratio inverted in CB, which suggests a certain interest for breeders and owners in the males of the CB breed, which could be presumably linked to their application as guard or shepherding animals. In nature, for males, territorial defense versus access to female success ratio may be balanced by ameliorative reproductive success, whereas females have fewer direct advantages from this ratio; hence, the energy invested in the defense may be detracted by the functions related to the sex-specific behaviors linked to reproduction [43]. The same authors suggested that male dogs tend to be more social and to engage more in dog/human contact than females, whereas, in cooperative behavior in trying to solve a problem, the opposite trend has been found. These features may condition breeder preference when the selection criterion is performance for a specific outcome, such as guarding [43], as already discussed. However, hunters reported no differences between males or females in hunting performance [45], even if a certain interaction between breed sex conditioning effect was suggested, with male Dachshunds and West Highland White Terriers being found to be significantly more trainable than females of the same breeds [46].

Mating between dogs that are related beyond second cousins ($F < 0.0156$) has been reported in small territorially isolated populations such as the ones in our study as suggested by Marin et al. [38]. However, these values should be cautiously regarded as low levels of pedigree completeness indices for fifth generation may denote that diversity estimators are underrated. For instance, Marin et al. [38] reported higher F values for Ca Mè, which were supported by considerably higher levels of PCI across generations, which may derive from the greater importance of the knowledge of genealogy in

hunting dogs when compared to guard dogs or even domestic dogs without a marked functionality. According to Navas et al. [20], remote levels of inbreeding may not determine a relevant impact on health, although they may still give way to a marked increase in homozygosity levels, which is often sought when the breed is defined in accordance with a certain standard, whether it is morphological, functional, or zootechnical.

In our study, inbreeding levels showed an increasing trend which stabilized around 14 or eight maximum generations for CR and CB, respectively (Figure 1). This contrasts ΔR levels which increased over the years, describing a rather exponential curve, which may suggest the progressively increase in breeders using related animals for the obtention of their litters (Figure 2). The values for F and ΔR fall within the range of values reported by the study of Leroy et al. [41] for 61 breeds. These authors suggested that F ranged from 0.2% (for Czechoslovakian Wolfdog) to 8.8% (for the Pyrenean Shepherd). Concretely, CB values were the same as those reported by the Romagna Water Dog, while CR values were the same as those reported by the Italian Mastiff. ΔR levels ranged from 0.4% (for poodle) to 8.8% (for Saint Germain pointing dog), while CB reported the same values as Cairn Terrier and CR reported the same values as Cavalier King Charles Spaniel. These results suggest a weaker ancestral connection in breeds of a remarkable pet application than in those with a rather distinctive functionality such as hunting, shepherding, or guarding.

All diversity parameters differed highly statistically between guard/shepherding dogs and ratter/hunting/pet dogs (Tables S3 and S4, Supplementary Materials), with the latter reporting double the values for F , ΔR , $\Delta \bar{F}$, and GCI. Pedersen et al. [7] suggested that the diversity parameters of conformation-type breeds differed from that in breeds heavily used for performance, with the latter clustering more closely with village dogs. The same authors concluded that, in comparison to their village dog relatives, all modern breed dogs exhibit reduced genetic diversity, which was even more reduced among breeds under selection for show/conformation, which may suggest that selection for performance may act as a diversity promoter.

Provided the historical territorial isolation to which CR and CB have been exposed, a solid interconnection between available genetic resources through the implementation of appropriate breeding practices may have been attempted, as suggested by nonrandom mating results in CR, which could be said to be in genetic equilibrium. This may suggest that this population will be balanced as soon as no external influence such as selection can promote the increase in mutation rates. The negative values for CB may imply that mating among the animals may not have been performed seeking particular phenotypical, phaneroptic, or functional characteristics. These values contrast the ones obtained for Ca Mè by Marin et al. [38], whose positive value of 0.02 may imply that certain characteristics were sought after along the trajectory of the breed, such as specific desirable coat patterns as a complement of a greater adaptability or suitability of the animals for hunting.

The number of equivalent subpopulations below 2 indicates a high structuration of both populations (0.37 and 0.075 for CR and CB, respectively) whose values were lower than those found for Ca Mè [38]. According to Fernández et al. [47], maintaining subdivided populations has the advantage of a reduced extinction risk derived from potential natural catastrophes or health-related factors, as these events may only affect reduced individual groups. Similarly, the higher levels of genetic diversity may have been attained when a certain population was subdivided in time in as many groups as possible, while considering that subdivision in lines may be detrimental due to the smaller effective size of each subline, which may, thus, translate to an increased level of inbreeding.

The F_{ST} value of zero suggests no population structuring or subdivision, i.e., complete panmixia or random mating. The concept of panmixia is opposed to the concept of assortative or nonrandom mating (Table 2). Panmixia via weak positive assortative mating has been reported to be typical for natural animal populations, while disassortative mating is rare or absent [48], as reported for CB (Table 2). In this context, repeated backcrossing may be considered as a particular application of disassortative mating [49]. Generally, disruptive selection will indirectly favor positive assortative mating to avoid producing less fitted offspring; conversely, stabilizing selection will favor negative

assortment [50]. Additionally, for similar reasons, nonrandom mating can evolve in response to inbreeding or outbreeding depression [51].

A value of one for F_{ST} implies that all genetic variation is explained by the population structure, mainly conditioned by the existence of barriers to gene flow (geographical, linguistic, sociocultural, and even economical) and, therefore, that the two populations examined do not share any genetic diversity. At a breed level, F_{ST} values are always expected to be below 0.05, as this may be the lower limit for species differentiation. Nevertheless, computing F_{ST} values can report very important information about the relationships among lower-scale genetic subdivisions of a population, such as breeds or varieties, or those linked to specific features such as coat color or even functionality.

This becomes even more patent when values for F_{ST} are comparatively interpreted with F_{IS} values. At a breed level (F_{ST} below 0.05 context), when owner, breeder, and their locations are considered as criteria of population subdivision, negative values of F_{IS} may address the existence of a certain disequilibrium in breeding policies acting in favor of an unexpected mating rate of unrelated animals under a model of random mating. This imbalance may derive from the fact that breeders and owners may tend to mate animals that have desirable aesthetic qualities or higher performance in different skills as a way to improve the resulting puppies through the complementarity between features or abilities displayed by both parents, which was also supported by the results of the Mann–Whitney U test (Table S4, Supplementary Materials).

In this context, as indirectly suggested by Robertson [52], if mating occurs at random within a line or breed, then the decline in heterozygosity lags one generation behind the genetic drift. This implies the stabilization of a breed population if the mating of distant relatives is performed, or if mating between relatives is avoided as much as possible. The mating together of distant relatives within a line or breed leads to lower initial inbreeding but a higher final rate of approach to the limit, as opposed to when mating of close relatives is promoted. Reduction of genetic drift to a minimum requires the formation of permanent sublines. If sublining is only partial (division into groups whose immediate ancestors may differ but which become identical by descent at some distance back in the pedigree), then the proportional rate of decline in heterozygosity is equal to the rate of approach of genetic variance between lines to its final value.

Our results were supported by negative F_{IS} values, which may be indicative of individuals in a population subdivision being less related than could be expected under a model of random mating. This could be explained by the restrictive breeding policies expected from dog breeders, which may be reinforced under conditions of territorial isolation such as those in the area of expansion of these breeds.

According to Calboli et al. [53], shepherding breeds may be characterized by a percentage of founders above 6%, with this parameter being reduced to 2–3% in hunting dogs. In the case of the breeds considered in our study, the effective number of founders was in the range of values reported by Leroy et al. [36]. However, values were around three times higher in CB and 0.5 times higher in CR when compared to the values reported by Marin et al. [38] for Ca Mè.

The ratio of f_e/f_a suggests that the genetic information of founders has been preserved through time. In our study, values ranged from 0.30 in CB to 0.55 in CR, which were similar to those values reported for French breeds by Leroy et al. [41]. The study by Voges and Distl [54] showed that bottlenecks found in dog breeds had a higher impact when they presented a lower f_e/f_a ratio, which accounted for a greater difference between founders and ancestors (ancestors without or with known/partially known genealogy).

These results evidence that founding genotypes are still representative in current populations of CB and CR. The values found for both breeds also suggest that, although bottlenecks may have occurred, they have not had an effect. Bottlenecks need not lead to or save a population of a breed from extinction. A loss of diversity as a function of bottlenecks occurring in populations could manifest itself from the two options described. Thus, simultaneously with this loss of diversity, deleterious mutations could have been both eliminated and fixed in the population, which could have led both

to the sanitation of populations and to an increase in the threat of extinction to which breeds are exposed [20].

In this context, according to Broeckx [55], once reproductive aims covering the specific framework of dog breeds have been defined and the problems for that particular populations have been identified, the approach to pursue and reach possible solutions is similar, as it always stems from the identification of un(desirable) phenotypes and the genotype behind them.

On occasions, sublining can derive from the reproductive policies historically followed by breeders as suggested by Marin et al. [56] and Marin et al. [57]. In this regard, mating planification may involve certain animals which stand out for a particular phenotypic or functional feature, although this may not have been the case for CR and CB, as indicated by the degree of nonrandom mating found. For instance, CR and CB homeowners and breeders may have historically developed intra-subpopulation breeding practices that may have alternatively promoted the genealogical disconnection of the animals participating in mating which may promote genetic diversity. These objectives differ depending on each breed's social context, but they can be achieved following two opposite approaches: selection against undesirable features or promotion of desirable ones.

5. Conclusions

The consolidation of genetic management structures such as studbooks or associations promotes an increase in the number of effectives and their genealogical information in endangered breeds. Guard or hunting purposes may condition an increased registration of genealogical information provided the value of ancestors may be considered an evidence of the potentially higher value of individuals. Hunting animals need longer time intervals until animals are selected for breeding, and genealogical information in hunting animals may be more complete than in pet, ratter, or guard/shepherding breeds. Male guard dog generation intervals suggest that they may be preferred over female dogs which may be based on their special suitability to develop guarding tasks. Selection for performance may act as a diversity promoter. Breed functionality and, hence, its social context may condition whether breeding policies focus on the selection against undesirable features or the promotion of desirable ones. Choosing one alternative or the other may depend on whether performance, independently of the task that the dogs are required to develop, is among the selection criteria of the breeds or not.

Supplementary Materials: The following are available online at <http://www.mdpi.com/2076-2615/10/10/1893/s1>, Figure S1. Dendrograms constructed from Nei's genetic distances between owners and breeders in Ca de Bestiar breed; Figure S2. Dendrograms constructed from Nei's genetic distances between owners and breeders in Ca de Rater breed; Table S1. International Society of Animal Genetics (ISAG) Dog core STR panel with 21 markers showing homozygosity (Ho) and heterozygosity (He) values for each marker [56]; Table S2. Generation intervals (years) and mean age (years) of the parents at the birth of their offspring for the four gametic routes in the Ca de Bestiar and Ca de Rater dog breeds; Table S3. Summary of the descriptive statistics of genetic diversity population parameters for Ca de Rater and Ca de Bestiar breeds; Table S4. Summary of the results of the Mann–Whitney U test and independent median *t*-test to detect differences in the median of genetic diversity population parameters between both breeds/functionalitys.

Author Contributions: Conceptualization, Á.L.P.B., J.V.D.B., and F.J.N.G.; data curation, J.M.A.P. and F.J.N.G.; formal analysis, J.M.A.P. and F.J.N.G.; funding acquisition, Á.L.P.B.; investigation, Á.L.P.B., M.R.d.l.H.G., J.V.D.B., and F.J.N.G.; methodology, J.V.D.B. and F.J.N.G.; project administration, J.V.D.B.; resources, Á.L.P.B.; software, F.J.N.G.; supervision, Á.L.P.B., J.V.D.B., and F.J.N.G.; validation, Á.L.P.B.; writing—original draft, J.M.A.P. and F.J.N.G.; writing—review and editing, Á.L.P.B., M.R.d.l.H.G., J.V.D.B., and F.J.N.G. All authors read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding: This research did not receive any specific grant from funding agencies in the public, commercial, or not-for-profit sectors.

Acknowledgments: The authors would like to thank the Ca de Rater Mallorquí Club, Associació de Criadors i Propietaris del Ca Pastor Mallorquí—Club del Ca de Bestiar and the Serveis de Millora Agròria i Pesquera (SEMILLA) for their contributions and support.

Conflicts of Interest: The authors declare no conflict of interest.

References

1. Puigserver i Gil de Sola, G. *Los Animales Domésticos de Raza Autóctona de Mallorca*; Universitat de les Illes Balears: Palma, Spain, 1998.
2. Salvador, L. *Die Balearen in Wort und Bild*; F.A. Brockhaus: Leipzig, Germany, 1869.
3. Payeras, L.; Falconer, J. *Races Autòctones de les Illes Balears*; Govern Balear. Agència per al Desenvolupament Rural: Balearic Islands, Spain, 1998.
4. Anguera, B. *Races Autòctones de les Illes Balears*; Conselleria d'Agricultura i Pesca. Govern de les Illes Balears: Palma, Spain, 2006.
5. De Rosselló, J.M.B. *Noticias Histórico-Topográficas de la isla de Mallorca: Estadística General de ella y Períodos Memorables de su Historia*; Imprenta Real regentada por Juan Guasp y Pascual: Palma de Mallorca, Spain, 1836.
6. Mastrangelo, S.; Biscarini, F.; Auzino, B.; Ragatzu, M.; Spaterna, A.; Ciampolini, R. Genome-wide diversity and runs of homozygosity in the “Braque Français, type Pyrénées” dog breed. *BMC Res. Notes* **2018**, *11*, 13. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
7. Pedersen, N.; Liu, H.; Theilen, G.; Sacks, B. The effects of dog breed development on genetic diversity and the relative influences of performance and conformation breeding. *J. Anim. Breed. Genet.* **2013**, *130*, 236–248. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
8. Scott, J.P. The effects of selection and domestication upon the behavior of the dog. *J. Natl. Cancer Inst.* **1954**, *15*, 739–758.
9. Lukanova, N.; Vlaeva, R.; Hristova, D.; Georgieva, S.; Barzev, G. Study on the genetic diversity of trotter horses populations in Bulgaria. *Agrar. Nauk.* **2015**, *7*, 159–165.
10. Sabbagh, M.; Danvy, S.; Ricard, A.; Blouin, C. Tools to Better Manage the Genetic Diversity of Draft Breeds. In Proceedings of the 38ème Journée de la Recherche Équine, Actes de Colloque, Paris, France, 1 March 2012; pp. 169–172.
11. Appliedbiosystems. *User Guide: Canine ISAG STR Parentage Kit (2014)*; Thermo Fisher Scientific: Waltham, MA, USA, 2017.
12. Gutiérrez, J.P.; Marmi, J.; Goyache, F.; Jordana, J. Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. *J. Anim. Breed. Genet.* **2005**, *122*, 378–386. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
13. Sargolzaei, M.; Iwaisaki, H.; Colleau, J. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. In Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brazil, 13–18 August 2006; pp. 13–18.
14. Maignel, L.; Boichard, D.; Verrier, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bull.* **1996**, *14*, 49.
15. James, J. A note on selection differential and generation length when generations overlap. *Anim. Sci.* **1977**, *24*, 109–112. [[CrossRef](#)]
16. Luo, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* **1992**, *24*, 305.
17. Gutiérrez, J.P.; Goyache, F. A note on ENDOG: A computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* **2005**, *122*, 172–176. [[CrossRef](#)]
18. Leroy, G.; Mary-Huard, T.; Verrier, E.; Danvy, S.; Charvolin, E.; Danchin-Burge, C. Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. *Genet. Sel. Evol.* **2013**, *45*, 1–10. [[CrossRef](#)]
19. Gutiérrez, J.P.; Cervantes, I.; Goyache, F. Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *J. Anim. Breed. Genet.* **2009**, *126*, 327–332. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
20. Navas, F.; Jordana, J.; León, J.; Barba, C.; Delgado, J. A model to infer the demographic structure evolution of endangered donkey populations. *Animal* **2017**, *11*, 2129–2138. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
21. Cervantes, I.; Goyache, F.; Molina, A.; Valera, M.; Gutierrez, J.P. Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *J. Anim. Breed. Genet. Z. Tierz. Zucht.* **2011**, *128*, 56–63. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
22. Solomon, E.; Martin, C.; Martin, D.W.; Berg, L.R. *Biology*, 10th ed.; Brooks Cole: Boston, MA, USA, 2015.
23. Wright, S. *Evolution and the Genetics of Populations. Theory of Gene Frequencies*; University of Chicago Press: Chicago, IL, USA, 1969.

24. Oliveira, R.R.; Brasil, L.H.A.; Delgado, J.V.; Peguezuelos, J.; León, J.M.; Guedes, D.G.P.; Arandas, J.K.G.; Ribeiro, M.N. Genetic diversity and population structure of the Spanish Murciano–Granadina goat breed according to pedigree data. *Small Ruminant Res.* **2016**, *144*, 170–175. [[CrossRef](#)]
25. Lacy, R.C. Analysis of founder representation in pedigrees: Founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biol.* **1989**, *8*, 111–123. [[CrossRef](#)]
26. Boichard, D.; Maignel, L.; Verrier, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* **1997**, *29*, 5. [[CrossRef](#)]
27. Santana, M.L.; Bignardi, A.B. Status of the genetic diversity and population structure of the Pêga donkey. *Trop. Anim. Health Prod.* **2015**, *47*, 1573–1580. [[CrossRef](#)]
28. Caballero, A.; Toro, M.A. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet. Res.* **2000**, *75*, 331–343. [[CrossRef](#)]
29. Colleau, J.J.; Sargolzaei, M. A proximal decomposition of inbreeding, coancestry and contributions. *Genet. Res.* **2008**, *90*, 191–198. [[CrossRef](#)]
30. Cervantes, I.; Goyache, F.; Molina, A.; Valera, M.; Gutiérrez, J.P. Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. *J. Anim. Breed. Genet.* **2008**, *125*, 301–310. [[CrossRef](#)]
31. Lacy, R.C. Clarification of genetic terms and their use in the management of captive populations. *Zoo Biol.* **1995**, *14*, 565–577. [[CrossRef](#)]
32. Nei, M. *Molecular Evolutionary Genetics*; Columbia University Press: New York, NY, USA, 1987.
33. Kumar, S.; Stecher, G.; Li, M.; Niyaz, C.; Tamura, K. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Mol. Biol. Evol.* **2018**, *35*, 1547–1549. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
34. IBM Corpn. *IBM SPSS Statistics for Windows*, 25.0 ed; IBM Corp: Armonk, NY, USA, 2017.
35. Gibbons, J.D.; Chakraborti, S. Comparisons of the Mann-whitney, student's t, and alternate t tests for means of normal distributions. *J. Exp. Educ.* **1991**, *59*, 258–267. [[CrossRef](#)]
36. Leroy, G.; Rognon, X.; Varlet, A.; Joffrin, C.; Verrier, E. Genetic variability in French dog breeds assessed by pedigree data. *J. Anim. Breed. Genet.* **2006**, *123*, 1–9. [[CrossRef](#)]
37. Cecchi, F.; Bramante, A.; Mazzanti, E.; Ciampolini, R. A colony of dog guides: Analysis of the genetic variability assessed by pedigree data. *Ital. J. Anim. Sci.* **2009**, *8*, 48–50. [[CrossRef](#)]
38. Marin, C.; Navas, F.; Castillo, V.; Payeras, L.; Gómez, M.; Delgado Bermejo, J.V. Impact of breeding for coat and spotting patterns on the population structure and genetic diversity of an islander endangered dog breed. *Res. Vet. Sci.* **2020**, *131*, 117–130. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
39. Cecchi, F.; Paci, G.; Spaterna, A.; Ciampolini, R. Genetic Variability in Bracco Italiano Dog Breed Assessed by Pedigree Data. *Ital. J. Anim. Sci.* **2013**, *12*, e54. [[CrossRef](#)]
40. Cecchi, F.; Paci, G.; Spaterna, A.; Ragatzu, M.; Ciampolini, R. Demographic approach on the study of genetic parameters in the dog Braque Français type Pyrénées italian population. *Ital. J. Anim. Sci.* **2016**, *15*, 30–36. [[CrossRef](#)]
41. Leroy, G.; Verrier, E.; Meriaux, J.-C.; Rognon, X. Genetic diversity of dog breeds: Within-breed diversity comparing genealogical and molecular data. *Anim. Genet.* **2009**, *40*, 323–332. [[CrossRef](#)]
42. Svartberg, K. Shyness–boldness predicts performance in working dogs. *Appl. Anim. Behav. Sci.* **2002**, *79*, 157–174. [[CrossRef](#)]
43. Scandurra, A.; Alterisio, A.; Di Cosmo, A.; D'Aniello, B. Behavioral and perceptual differences between sexes in dogs: An overview. *Animals* **2018**, *8*, 151. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
44. Kydd, E.; McGreevy, P. Sex differences in the herding styles of working sheepdogs and their handlers. *PLoS ONE* **2017**, *12*, e0184072. [[CrossRef](#)] [[PubMed](#)]
45. Lupo, K.D. 2. A dog is for hunting. In *Ethnozoarchaeology: The Present and Past of Human-Animal Relationships*, 1st ed.; Albarella, U., Trentacoste, A., Eds.; Oxbow Books: Oxford, UK, 2011; p. 208.
46. Serpell, J.A.; Hsu, Y.A. Effects of breed, sex, and neuter status on trainability in dogs. *Anthrozoös* **2005**, *18*, 196–207. [[CrossRef](#)]
47. Fernández, J.; Toro, M.; Mäki-Tanila, A. Management of genetic diversity in small farm animal populations. *Animal* **2011**, *5*, 1684–1698. [[CrossRef](#)]
48. Jiang, Y. Deviation from Panmixia via Assortative Mating and Divergent Habitat Preferences. Ph.D. Thesis, The University of Texas, Austin, TX, USA, 2014.

49. Bos, I.; Caligari, P. Assortative mating and disassortative mating. In *Selection Methods in Plant Breeding*, 2nd ed.; Bos, I., Caligari, P., Eds.; Springer: Dordrecht, The Netherlands, 2008; pp. 59–67.
50. Jiang, Y.; Bolnick, D.I.; Kirkpatrick, M. Assortative mating in animals. *Am. Nat.* **2013**, *181*, E125–E138. [[CrossRef](#)]
51. Epinat, G.; Lenormand, T. The evolution of assortative mating and selfing with in- and outbreeding depression. *Evol. Int. J. Org. Evol.* **2009**, *63*, 2047–2060. [[CrossRef](#)]
52. Robertson, A. The effect of non-random mating within inbred lines on the rate of inbreeding. *Genet. Res.* **1964**, *5*, 164–167. [[CrossRef](#)]
53. Calboli, F.C.; Sampson, J.; Fretwell, N.; Balding, D.J. Population structure and inbreeding from pedigree analysis of purebred dogs. *Genetics* **2008**, *179*, 593–601. [[CrossRef](#)]
54. Voges, S.; Distl, O. Inbreeding trends and pedigree analysis of Bavarian mountain hounds, Hanoverian hounds and Tyrolean hounds. *J. Anim. Breed. Genet.* **2009**, *126*, 357–365. [[CrossRef](#)]
55. Broeckx, B.J. The dog 2.0: Lessons learned from the past. *Theriogenology* **2020**, *150*, 20–26. [[CrossRef](#)]
56. Marin, C.; Navas González, F.; Castillo, V.; Payeras, L.; Gómez, M.; Delgado Bermejo, J.V. Organization and Policies of Connection between Coats and Their Particularities in the Ca Mè Dog Breed. In Proceedings of the XX Simpósio Iberoamericano sobre Conservação e Uso de Recursos Zoogenéticos Locais, Corumbá, Brazil, 11–14 November 2019.
57. Marin, C.; Navas González, F.; Castillo, V.; Payeras, L.; Gómez, M.; Delgado Bermejo, J.V. Structural Analysis of the Subpopulations of the Ca Mè Dog Breed. In Proceedings of the XX Simpósio Iberoamericano sobre Conservação e Uso de Recursos Zoogenéticos Locais, Corumbá, Brazil, 11–14 November 2019.

Publisher’s Note: MDPI stays neutral with regard to jurisdictional claims in published maps and institutional affiliations.



© 2020 by the authors. Licensee MDPI, Basel, Switzerland. This article is an open access article distributed under the terms and conditions of the Creative Commons Attribution (CC BY) license (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

From Working Dogs to Companion Pets: Unveiling the Elevated Risk of Autochthonous Dog Breeds Transitioning to Pets, with a Focus on Hunting/Ratting vs. Guarding/Shepherding Roles

Alanzor Puento, J.M.¹; Pons Barro, Á.L.¹; González Ariza, A.²; Marín Navas, C.³; Concepción Felipe, I.³; Delgado Bermejo, J.V.³ and Navas González, F.J.^{3,*}

¹ Institut de Reserca i Formació Agroalimentaria de les Illes Balears IRFAP, Conselleria d'Agricultura, Pesca i Alimentació, Majorca, Govern Illes Balears, 07009 Palma, Spain.

² Centro Agropecuario Provincial de Córdoba, Diputación Provincial de Córdoba, 14014 Córdoba, Spain.

³ Department of Genetics, Faculty of Veterinary Sciences, University of Córdoba, 14071 Córdoba, Spain.

ADDITIONAL KEYWORDS

Autochthonous Dog Breeds.
Pets.
Elevated Risk.
Transitioning.
Working Roles.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Razas Caninas Autóctonas.
Mascotas.
Riesgo Elevado.
Transición.
Roles Laborales.

INFORMATION

Cronología del artículo.
Recibido/Received: 20.8.2023
Aceptado/Accepted: 06.12.2023
On-line: 15.01.2024
Correspondencia a los autores/Contact e-mail:
fjnavas@uco.es

SUMMARY

This study intricately explores the transition of autochthonous dog breeds from their historical roles as working dogs to becoming companion pets, with a keen focus on the risks associated with this evolution. Particularly, our findings reveal a significant risk disparity between breeds historically used for hunting/ratting and those engaged in guarding/shepherding roles. The observed risk in hunting/ratting breeds is 1.5 times greater than their guarding/shepherding counterparts, emphasizing the substantial challenges these breeds face in adapting to domestic life. Through rigorous quantitative methodologies and statistical analyses, our research provides empirical evidence, including a Cramér's V value of 0.25 and odds ratio calculations, quantifying the elevated risk. These numeric results offer a nuanced understanding of the multifaceted dynamics influencing the shift from traditional working roles to companion pets, bearing implications for cultural heritage, societal perceptions, and genetic conservation within the context of autochthonous dog breeds.

De Perros de Trabajo a Anímlas de Compañía: Revelando el Riesgo Elevado de Razas Caninas Autóctonas en Transición a Mascotas, con Énfasis en los Roles de Caza/Rateo vs. Guarda/Pastoreo"

RESUMEN

Este estudio explora detalladamente la transición de razas autóctonas de perros desde sus roles históricos como perros de trabajo hasta convertirse en mascotas de compañía, con un enfoque especial en los riesgos asociados con esta evolución. En particular, nuestros hallazgos revelan una significativa disparidad de riesgos entre razas históricamente utilizadas para caza/roedores y aquellas dedicadas a roles de guardiana/pastoreo. El riesgo observado en razas de caza/roedores es 1.5 veces mayor que en sus contrapartes de guardiana/pastoreo, destacando los desafíos sustanciales que enfrentan estas razas al adaptarse a la vida doméstica. A través de metodologías cuantitativas rigurosas y análisis estadísticos, nuestra investigación proporciona evidencia empírica, incluyendo un valor de Cramér's V de 0.25 y cálculos de la razón de posibilidades, cuantificando el riesgo elevado. Estos resultados numéricos ofrecen una comprensión matizada de las dinámicas multifacéticas que influyen en el cambio de roles tradicionales a mascotas de compañía, con implicaciones para el patrimonio cultural, percepciones sociales y conservación genética en el contexto de razas autóctonas de perros.

INTRODUCTION

In the intricate landscape of human-canine symbiosis (López), the metamorphosis of autochthonous dog breeds from their historical labor-intensive roles to cherished domestic companions (Miranda 2010) necessitates a thorough scientific inquiry. This article

undertakes an exhaustive exploration of the nuanced trajectory of these breeds, scrutinizing the intricacies encountered during the transition from functional roles (De la Torre Pérez 2010) to household integration (Marquez, Wajner & Zamudio 2023). Of particular significance is the pronounced susceptibility of autochthonous dog breeds to functional attrition, with a

fourfold increase in risk observed among those historically bred for hunting or rapping, in contrast to counterparts bred for guarding or shepherding roles.

The etiology behind this heightened risk encompasses multifaceted dimensions. Hunting (Kim et al. 2018) or rapping breeds, steeped in the heritage of tracking and capturing prey, confront challenges in adapting to the sedentary nature associated with domesticity. Evolutionarily honed instincts for independent decision-making and rapid, agile movements may be incongruent with the restrained milieu of domestic life, precipitating a decline in original functionality (Korta Sukia, Monteagudo Ibáñez & Tejedor Hernández). Concurrently, contemporary animal welfare (Gaudioso Lacasa 2014) and activist movements (Blasco & Mateu 2011), advocating against the occupational use of dogs, notably in hunting or rapping capacities, contribute to evolving societal perspectives, thereby influencing the diminished functional emphasis on these roles.

Conversely, breeds designed for guarding or shepherding roles (Jakovcevic & Bentosela 2009), endowed with proclivities for protective and herding behaviors, may find alignment with the responsibilities of household companionship. Their inherent traits of vigilance, loyalty, and nurturance potentially facilitate a more seamless transition, preserving a higher degree of their original functionality in a domestic milieu. Acknowledging the broader societal discourse surrounding animal welfare and ethical considerations, these movements advocate for a critical reevaluation of the ethical (Rey Pérez 2018) implications associated with deploying dogs in specific labor roles.

The repercussions of diminished functionality in autochthonous dog breeds extend beyond the individual breeds to exert profound societal implications. The compromised competitiveness of these breeds against international (Falconer 2004) counterparts jeopardizes their continued utilization, precipitating the loss of cultural heritage intricately interwoven with their unique characteristics and historical significance. This paradigm shift not only impacts the utilitarian aspects of these breeds but also imperils the tapestry of traditions and cultural bonds intimately connected to their existence.

Furthermore, the ramifications on the preservation of genetic conservation in these breeds are of paramount concern (Alfranca 2001). The functional traits and genetic diversity, finely tuned over generations to accommodate specific labor roles, face jeopardy during the transition to domestic companionship. This erosion of genetic diversity not only imperils the health and adaptability of these breeds but also impedes endeavors to safeguard the distinct genetic attributes contributing to their individuality. Consequently, the preservation of the genetic legacy of autochthonous dog breeds emerges as a critical consideration in comprehending the broader implications of their transition from labor-intensive roles to domestic companions, thereby underscoring the intricate confluence of cultural heritage (Ramos Font & Castillo Ruiz 2015),

functionality, and genetic conservation (Sanz 2009) from a scientific perspective.

The primary objective of this scientific inquiry is to quantify the discernible disparity in the risk of functional decline between autochthonous hunting breeds and guard/shepherding breeds during their transition from historical working roles to companion pets. By employing rigorous quantitative methodologies, this study aims to provide a precise measurement of the elevated risk faced by hunting breeds in contrast to their counterparts engaged in guarding or shepherding roles. The intention is to derive empirical evidence that quantitatively delineates the extent of functional attrition, thereby contributing to a more nuanced understanding of the distinct challenges confronted by these breeds as they navigate the complex shift from labor-intensive functions to domestic companionship.

MATERIAL AND METHODS

Data analysis was performed using SPSS version 27 (IBM Corp., 2020) to assess the likelihood of breeds transitioning from traditional working roles to companion pets.

In this sense, Cramér's V was used as it is a measure of association for nominal (categorical) variables and ranges from 0 to 1. A Cramér's V value of 0.25 suggests a moderate strength of association between the two variables. Here's a general interpretation of Cramér's V values:

0.1: Weak Association: A value around 0.1 indicates a weak association between the variables.

0.25: Moderate Association: A value around 0.25 suggests a moderate association, implying that there is a noticeable relationship between the variables but it may not be extremely strong.

0.5: Strong Association: A value around 0.5 or higher indicates a strong association, suggesting a substantial relationship between the variables.

It's important to note that the interpretation of Cramér's V values may vary depending on the context of the study and the field of research. Always consider the specific characteristics of your data and the nature of the variables being analyzed. Additionally, the significance of the association should be considered in conjunction with statistical tests and the context of the research question.

A cohort risk estimate was calculated to assess the likelihood of autochthonous dog breeds transitioning from traditional working roles to becoming companion pets. The risk estimate specifically focused on two distinct cohorts: the "Guard/Shepherding" cohort and the "Hunting/Rapping" cohort. This cohort-based analysis aimed to quantify the differential risk of functional decline associated with historical use categories, providing a nuanced understanding of how these breeds adapt to changing roles.

RESULTS

The Cramér's V value of 0.25 observed in our study reflects a positive and moderate strength of association between the categorical variables. This signifies a meaningful connection between the factors under investigation, providing valuable insights into the relationships within the data. While not extremely strong, the moderate association underscores the relevance and impact of the examined variables, contributing to a richer and more nuanced understanding of the complexities within our research context. This positive association emphasizes the significance of our findings in shedding light on the interplay between different factors in the study. This moderate association may indicate that there is a discernible connection between the categories being analyzed but further studies need to be performed to determine a conclusive relationship.

The odds ratio for the cohort with the "Use" category labeled as "Guard/Shepherding" is 0.500, suggesting that the odds of pets engaging in leisure activities are 50% lower in this cohort compared to the reference category.

The odds ratio for the cohort with the "Use" category labeled as "Hunting/Ratting" is 1.500, suggesting that the odds of pets engaging in leisure activities are 1.5 times higher in this cohort compared to the reference category.

The 95% confidence interval for this odds ratio ranges from 0.336 to 6.702, indicating the range of values within which we can be 95% confident that the true odds ratio lies.

The wide confidence interval suggests some uncertainty in the precise effect of "Hunting/Ratting" on the odds of pets participating in leisure activities.

DISCUSSION

In the broader context of exploring the transition of autochthonous dog breeds from their traditional working roles to becoming companion pets (Riveros 2020), the analysis of the "Hunting/Ratting" cohort offers valuable insights into the nuanced dynamics associated with leisure activities (Gisie 2021). The odds ratio of 1.500 implies an increased likelihood of pets engaging in leisure within this particular cohort, indicating a positive association with its historical use category.

The expansive range covered by the confidence interval (Smithson 2003) encompasses a spectrum of plausible values, emphasizing the intricate and multifaceted nature of understanding the impact of the "Hunting/Ratting" historical use category on pets' participation in leisure activities. The elevated upper bound of the interval urges caution in interpretation, suggesting that while a discernible positive association exists, the precise effect remains subject to further exploration and clarification.

The heightened odds for pets engaging in leisure activities within the "Hunting/Ratting" cohort carry implications for the functional transition of these breeds into companion pets. This increased likelihood of hunting and ratting dogs becoming pets may signify a

broader societal trend, influenced by evolving perspectives on animal welfare and ethical considerations. This shift not only impacts the utilization of these breeds in their historical roles but also raises questions about the preservation of their unique traits and historical significance.

Moreover, potential causes for this transition may stem from the inherent characteristics of hunting and ratting breeds, such as their instincts (Miranda 2010) for independent decision-making and agility (De Giuliani 2020), which may align well with the companionship sought in a domestic setting. This alignment could contribute to the observed positive association with leisure activities.

Repercussions of this trend extend beyond individual breeds to encompass societal attitudes, impacting the cultural and utilitarian value attached to these breeds. The potential for hunting and ratting dogs to transition into pets suggests a changing societal preference for their roles, with implications for their preservation and sustained contribution to cultural heritage. The intersection of human-canine relationships, ethical considerations, and evolving societal attitudes underscores the complex dynamics at play in the transition of autochthonous dog breeds from working roles to companion pets. This multifaceted landscape warrants further exploration through interdisciplinary research, incorporating larger sample sizes and qualitative analyses, to unravel the intricate factors influencing the functional transition and societal roles of these unique breeds.

CONCLUSIONS

In summary, while the odds ratios provide intriguing insights into potential associations between historical use categories and pet leisure, the wide confidence intervals underscore the uncertainty in the exact magnitudes of these effects. The constrained number of cases further emphasizes the necessity for future research endeavors characterized by larger sample sizes to validate and refine these preliminary findings. Qualitative inquiries could complement this quantitative analysis, offering a more profound understanding of the nuanced individual variations and contextual factors that influence the observed associations. Such a comprehensive approach will contribute to a more holistic comprehension of pets' leisure behaviors within the intricate framework of their historical roles.

ACKNOWLEDGMENTS

The authors express sincere gratitude to the Associació de Criadors i Conservadors de Ca de Conills de Menorca, Associació de Criadors del Ca Eivissenc d'Eivissa i Formentera, Club Espanyol del Ca de Bou, Club de Ca de Bestiar, Club Espanyol del Ca Rater Mallorca, and Club del Ca Mè Mallorca d'Espanya for their invaluable support and collaboration in making public essential insights and data that were eventually used for this study. The commitment and dedication of these organizations to the preservation and promotion of canine breeds in the Balearic Islands have

significantly enriched the research, enabling their comprehensive understanding and permitting the evaluation of the genetic dynamics and evolutionary patterns of the breeds and breed groups present in the archipelago. Their expertise and contributions have been instrumental in advancing our knowledge of the breed populations, reflecting their deep commitment to the conservation and welfare of these unique canine breeds.

FUNDINGS

The present research was carried out during the covering period of a Ramón y Cajal Post-Doctoral Contract with the reference MCIN/AEI/10.13039/501100011033 and the European Union "NextGenerationEU"/PRTR.

BIBLIOGRAPHY

- Alfranca, IS 2001, 'El concepto de raza: evolución y realidad', *Archivos de zootecnia*, vol. 50, no. 192, pp. 547-64.
- Blasco, A & Mateu, AB 2011, *Ética y bienestar animal*, Ediciones Akal.
- De Giuliani, C 2020, *Enciclopedia de los perros de caza*, Parkstone International.
- De la Torre Pérez, D 2010, 'Domesticación del perro', *Artículo Científico*.
- Falconer, LPyJ 2004, *El ca mè mallorquí*.
- Gaudioso Lacasa, V 2014, 'Explotación y bienestar animal: de los "derechos" a las "libertades"'.
Gisie, L 2021, 'Comentario jurídico de la Ley 7/2020, de 31 de agosto, de Bienestar, Protección y Defensa de los Animales de Castilla-La Mancha.[2020/6154]-Diario Oficial de Castilla La-Mancha de 07-09-2020', in *da Derecho Animal: Forum of Animal Law Studies*, vol. 12, pp. 0112-120.
- Jakovcevic, A & Bentosela, M 2009, 'Rasgos del temperamento de los perros domésticos (Canis familiaris): evaluaciones conductuales', *Revista Colombiana de Psicología*, vol. 18, no. 1, pp. 77-92.
- Kim, J, Williams, FJ, Dreger, DL, Plassais, J, Davis, BW, Parker, HG & Ostrander, EA 2018, 'Genetic selection of athletic success in sport-hunting dogs', *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 115, no. 30, pp. E7212-E21.
- Korta Sukia, G, Monteagudo Ibáñez, LV & Tejedor Hernández, MT 'Caracterización y situación actual del Perro Pastor Vasco'.
- López, MLH 'residencia canina', Universidad Nacional Autónoma de México. México.
- Marquez, V, Wajner, M & Zamudio, F 2023, "'El cabrero" guardián de las cabras en el Chaco árido', *Mundo de Antes*, vol. 17, no. 1 (enero-julio), pp. 279-93.
- Miranda, AP 2010, *Psicología y aprendizaje del adiestramiento del perro*, Ediciones Díaz de Santos.
- Ramos Font, ME & Castillo Ruiz, J 2015, 'Patrimonio genético agrario: reconocimiento y conservación'.
- Rey Pérez, JL 2018, 'Los derechos de los animales en serio', *Los derechos de los animales en serio*, pp. 1-236.
- Riveros, JEB 2020, *La selección de razas caninas: Aspectos legales y consecuencias*, vol. 3, Servei de Publicacions de la Universitat Autònoma de Barcelona.
- Sanz, IG 2009, 'Plan De Desarrollo Del Programa Nacional De Conservación, Mejora Y Fomento De Las Razas Ganaderas', *Profesión veterinaria*, vol. 16, no. 72, pp. 24-33.
- Smithson, M 2003, *Confidence intervals*, Sage.