

Avilés, C. _; Álvarez, F. _; Azor, P. J. _; Fernández, I. _; Pérez, J. A. _;
 Rodero, A. _; Molina, A. _

_ Grupo MERAGEM (Código Pai AGR158). Departamento de
 Genética. Facultad de Veterinaria. Universidad de Córdoba
 _ Asociación Nacional de Criadores de Vacuno de Raza Retinta



ESTRUCTURA DEL SISTEMA DE CRÍA Y VARIABILIDAD GENÉTICA DEL NÚCLEO DE CONTROL CÁRNICO DEL ESQUEMA DE SELECCIÓN DE LA RAZA RETINTA

RESUMEN

En el presente trabajo se ha abordado el análisis del flujo genético, la estructura poblacional y la variabilidad genética del Núcleo de Control Cárnico (NCC) del Esquema de Selección de la Raza Retinta desde su inicio hasta la actualidad.

El Núcleo de Control Cárnico del Esquema de Selección de la Raza Retinta cuenta actualmente con 40499 animales controlados. De éstos, 19756 pertenecen a alguna de las 64 ganaderías actualmente inscritas en dicho Esquema. Estas últimas son las que nos ocupan en el estudio.

En primer lugar se ha llevado a cabo un estudio de la contribución de las ganaderías del NCC a la población en control a partir de la aportación de animales controlados y de reproductores. Esto ha permitido conocer las ganaderías que pueden considerarse de élite y el flujo existente dentro del núcleo. Para determinar el nivel de variabilidad existente en las ganaderías del NCC se ha evaluado el porcentaje de consanguinidad y el coeficiente de parentesco. Por último se ha estimado la distancia genética entre las ganaderías del Núcleo, teniendo en cuenta el grado de parentesco genealógico medio entre los reproductores de cada ganadería.

INTRODUCCIÓN

La Asociación Nacional de Criadores de Ganado Vacuno Selecto de Raza Retinta es el responsable del Esquema Nacional de Selección en colaboración con el Grupo de Investigación MERAGEM (AGR-158) de la Facultad de Veterinaria de la Universidad de Córdoba. Los principales objetivos de éste Esquema son mejorar las cualidades de producción de carne, la conformación de los animales y las características reproductivas, manteniendo la rusticidad y adaptación al sistema de explotación extensiva en que se desenvuelve la raza.

Con motivo de los diez años de existencia del Esquema Oficial de la Raza, se ha llevado a cabo el presente análisis del Núcleo de Control Cárnico (NCC) del Esquema de Selección de la Raza Retinta.

El objetivo que se persigue es determinar el flujo genético entre las ganaderías que forman este Núcleo, la estructura genética y la situación en cuanto a variabilidad genética. Dada la estructura piramidal del Esquema de Selección, de los esfuerzos selectivos que se llevan a cabo en el estrato superior dependerá la mejora que se obtenga en el resto de la pirámide.

En esta pirámide, el estrato más alto lo forma el "Núcleo de Selección", o NCC, compuesto por aquellas ganaderías colaboradoras que están sometidas a un control exhaustivo y a valoración genética. El segundo nivel lo constituyen los animales de las ganaderías colaboradoras que están fuera de la evaluación y que consideraremos como "Núcleo Base en Pureza" por estar en estrecha relación con el Núcleo de Selección, interactuar con él, y recibir en primer lugar el flujo de la mejora. El tercer nivel lo forman los animales de las ganaderías de la Asociación con cría en pureza que no colaboran directamente en el

plan pero que reciben la influencia de la mejora a través de la compra o cesión de reproductores de las ganaderías colaboradoras, constituyendo la "Población Base en Pureza". El cuarto y último nivel lo constituyen los animales pertenecientes a ganaderías no incluidas en la Asociación y que pueden disponer total o parcialmente de un alto porcentaje de animales cruzados o de raza poco definida y que siguen incorporando reproductores de esta Raza de los estratos superiores. Un esquema de esta estructura se presenta en la Figura 1.



5.000 reproductoras, 64 ganaderías

8.000 reproductoras, 96 ganaderías

20.000 reproductoras

250.000 reproductoras

Figura 1. Estructura piramidal del NCC de la Raza Retinta

MATERIAL Y MÉTODOS

El NCC incluye toda la información que ha ido generando el Esquema desde su origen. Dentro del mismo incluimos el grupo de animales de los que poseemos registros tanto de nacimiento como de pesadas así, como los datos de aquellos animales que han estado sometidos a valoración en Centro de Testaje.

El NCC del Esquema de Selección de la Raza Retinta cuenta en la actualidad con 40.499 animales registrados desde de su inicio (1995) hasta el año 2005 pertenecientes a 122 ganaderías. De éstos, 19.756 pertenecen a alguna de las 64 ganaderías actualmente inscritas en dicho Esquema. Es sobre estas últimas sobre las que se ha realizado el presente estudio.

En primer lugar se ha llevado a cabo un estudio de la contribución de las ganaderías del NCC a la población en control a partir de la aportación de animales y de reproductores. Esto permitirá conocer las ganaderías que pueden considerarse de élite y cual es el flujo dentro del núcleo. Así a partir de la aplicación informática Endog

v3.0 (Gutiérrez y Goyache, 2005) se ha realizado la selección y el estudio pormenorizado para el núcleo de las 10 ganaderías más influyentes en función de la suma de los coeficientes de parentesco de los individuos fundadores pertenecientes a cada explotación.

La consideración de ganadería de élite no presupone por tanto que lo sean o no desde el punto de vista genético, solamente que la influencia que ha tenido (número de animales aportados) en el NCC ha sido muy significativa.

Los parámetros utilizados para determinar la estructura de éste NCC han sido estimados también a partir del programa Endog v3.0 (Gutiérrez y Goyache, 2005):

- **Tamaño efectivo de rebaños** (Robertson, 1953): es la inversa de la probabilidad de que los antecesores (padres, abuelos, bisabuelos, etc.) de dos animales elegidos al azar pertenezcan al mismo rebaño.

- Número real y efectivo de ancestros y fundadores. Entendemos como animal medio fundador o fundador aquel del que se desconoce la identidad de su padre, de su madre o de ambos. Ancestro es aquel animal que posee un peso importante en el pedigrí de la población.

El número efectivo de fundadores es el número de fundadores que, si contribuyeran de igual forma, podrían dar lugar a la diversidad genética real de la población en estudio (Lacy, 1989). El número efectivo de ancestros se define como el número mínimo de ancestros, no necesariamente fundadores, que explican la diversidad genética completa de la población (Boichard et al., 1997).

Para determinar el nivel de variabilidad existente en las ganaderías del NCC se ha evaluado el porcentaje de consanguinidad y el coeficiente de parentesco:

- **Consanguinidad** es definida por Wright (1931) como la probabilidad de que un individuo reciba en un locus dado, dos alelos idénticos por descendencia.

- **Coficiente** de parentesco es la probabilidad de que dos genes tomados al azar de dos individuos en una población sean idénticos por ascendencia.

Finalmente se ha estimado la distancia genética entre las ganaderías del Núcleo en base al grado de **parentesco medio** (AR).

La estimación del parentesco genealógico entre los reproductores de dos ganaderías nos permite determinar la proximidad genética entre los reproductores de ambas lo cual es esencial a la hora de determinar el intercambio de reproductores dentro del Núcleo óptimo para luchar contra la consanguinidad. Así, la distancia genética entre subpoblaciones, en este caso entre ganaderías, la definimos como la medida de la similitud genética entre dos poblaciones a partir del grado de parentesco medio entre sus reproductores.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El NCC está constituido por un número variable de ganaderías en las que se están llevando a cabo los controles reproductivos y productivos de forma sistemática. Son por tanto las ganaderías que nutren de información a toda la pirámide del Esquema.

De los 19.756 animales que pertenecen, dentro del NCC, a alguna ganadería de las inscritas en el Esquema de Selección, 11.990 son hembras y 7.766 machos. Se

poseen también distintos tipos de pesadas (de nacimiento, intermedias o de destete) de 16.299 animales. Durante la ejecución del último informe del Esquema de Selección se contó con 4.911 reproductoras que dieron lugar a 3.613 partos y 3.673 crías de las que 2.876 eran de raza Retinta en pureza.

Con estos datos como base se han determinado la estructura y el nivel de variabilidad dentro de la población en estudio. El conocimiento de ésta variabilidad genética es el principio de toda selección efectiva y de los programas de conservación, el mantenimiento de la diversidad es uno de los principales objetivos en la gestión de las cabañas ganaderas.

Para determinar la variabilidad en el NCC se ha caracterizado previamente la estructura del mismo para conocer la procedencia de la genética y el movimiento de ésta dentro de la población en estudio.

Con el fin de establecer si han existido modificaciones recientes en los modelos de cría utilizados en la raza, se han determinado los parámetros relacionados con la probabilidad de procedencia de la genética. Éstos explican como un uso excesivo de determinados individuos puede llevar a una reducción considerable del "stock de genes" de una población.

A partir de la tabla 1 comprobamos que con tan sólo el 8% de los fundadores reales se podría haber conseguido una población del mismo tamaño que la del estudio; igualmente el número de ancestros reales es muy superior al número efectivo de ancestros. Comparando los datos referentes a la relación entre número efectivo de ganaderías fundadoras y número total de las mismas con los obtenidos en otras razas del área de la dehesa como la Avileña-Negra Ibérica o la Morucha (Gutiérrez et al., 2003), se observa que las poblaciones tienen un comportamiento parecido y puede ser debido al bajo índice de migración entre explotaciones que caracteriza a estas razas con respecto a otras del norte de la península.

El análisis del flujo de genes en el NCC es un elemento fundamental para conocer la evolución de su variabilidad y las relaciones entre ganaderías así como su estructura (Cañón et al., 1994), condicionando además la fiabilidad de las valoraciones genéticas al permitir la conexión entre las ganaderías.

Tabla 1. Estimaciones de los principales parámetros de probabilidad de origen de los genes en el NCC de la Raza Retinta

Población de referencia	Nº de fundadores	Nº efectivo de fundadores	Nº de ancestros	Nº efectivo de ancestros	Ancestros que explican el 50%	Nº de ganaderías fundadoras	Nº efectivo de ganaderías fundadoras
23279	2511	202	2236	95	50	107	18

Tras analizar las 64 ganaderías que pertenecen al Esquema y seleccionar las 10 de mayor peso dentro del mismo se han obtenido los datos reflejados en las tablas 2 y 3.

En la tabla 2 se puede observar como 587 de los 732 sementales que han generado crías en el núcleo de selección (más de un 80%) pertenecen a alguna ganadería del mismo. De esos 732, más del 45% (335 padres) han tenido crías exclusivamente en su propia explotación de nacimiento, mientras que el 34% se corresponde con sementales que han tenido crías dentro del Esquema pero en ganaderías diferentes a la de su procedencia, lo que favorece un buen flujo y conexión dentro del NCC.

El 20% de los sementales que han tenido crías en el Núcleo de Selección (145) son importados, es decir pertenecen a ganaderías del Núcleo Base, en concreto a 32 de ellas.

En el sentido contrario se han obtenido 7857 crías en el Núcleo Base de padres de ganaderías del NCC superior.

Por otra parte se han importado 280 animales, principalmente vacas para futuras reproductoras, del núcleo base y 957 animales de unas explotaciones a otras del propio Esquema.

Observando estos movimientos de exportación-importación deducimos que existe un flujo adecuado entre los dos estratos de la pirámide en ambos sentidos, hacia abajo se difunde la mejora, en cambio hacia arriba lo que se consigue es recuperar por el Esquema animales de alto valor evitando además incrementos de la consanguinidad en el NCC, teniendo en cuenta que éste no tiene un gran tamaño.

Cuando nos centramos en el grupo de las 10 ganaderías más influyentes (15,6% del total de ganaderías del Núcleo de Selección) nos encontramos con que han generado 7529 crías en el mismo, lo que supone más del 38% de las crías del NCC, esto demuestra que su aportación al núcleo de selección es muy superior al resto de ganaderías del NCC.

El número de sementales que han tenido crías en este conjunto de ganaderías de élite asciende a 325,38 de los cuales, algo más de un 11,7%, pertenecen a ganaderías del Núcleo Base, en concreto a 15 de ellas. Esta situación es diferente a la acontecida en el total del Esquema y refleja un mayor nivel de exigencia por parte de las explotaciones de élite, ya que no se producen movimientos de ascenso desde el estrato inmediatamente inferior de la pirámide.

	Total Núcleo de Selección	Grupo de élite	% Sobre el total
G₁ : Nº de ganaderías del Esquema de Selección	64	10	15,6
Crías : Nº de crías producidas dentro de las ganaderías del NCC	19756	7529	38,1
S₁ : Sementales (propios+ importados de G ₂) que han generado crías de cada una de las ganaderías G ₁	732	325	44,4
S₂ : Sementales de G ₁ que han tenido crías en G ₁	587	293	49,9
S_{2a} : Sementales de G ₁ que han tenido crías dentro de su propia explotación de nacimiento exclusivamente	335	174	51,9
S_{2b} : Sementales de G ₁ que han tenido crías en otras ganaderías diferentes a la de su nacimiento pero pertenecientes a G ₁	252	119	47,2
S₃ : Sementales que G ₁ adquiere para generar su efectivo ganadero procedentes de G ₂	145	38	26,2
G₂ : Nº de ganaderías de las que proceden los sementales que han utilizado las ganaderías del NCC (Sementales importados)	32	15	46,9
G₃ : Nº de ganaderías del NCC + otras ganaderías en las que han intervenido sementales procedentes de las G ₁	94	82	87,7
Crías en G₃	27613	9146	33,1
Crías adquiridas por G₁ (del núcleo base)	280	77	27,5
Crías adquiridas por G₁ (de otras ganaderías de G ₁ o núcleo de selección)	957	97	10,1

Tabla 2. Estudio de las ganaderías con mayor nivel de influencia en el Núcleo de Control Cárnico del Vacuno Retinto

Donde sólo encontramos ligeras diferencias en los resultados con respecto al núcleo de selección es en el caso de los sementales que han tenido crías en su misma explotación de nacimiento exclusivamente, puesto que este porcentaje supone un 53,5% (174 de un total de 325 animales) frente al 45% del NCC completo, esto es indicativo de una menor importación de sementales dentro de la población de élite. Al contrario, un 35% de los sementales han intercambiado padres dentro del seno del Núcleo de Selección, hecho éste que beneficia a la difusión de genes entre explotaciones controladas y a la conexión entre éstas como ocurre en la población anterior.

De éstas ganaderías de élite se han exportado sementales a 82 explotaciones diferentes, pertenecientes tanto al Núcleo de Selección como al Núcleo Base. Esta cifra frente a la misma en el total de ganaderías a las que se han exportado sementales de todo el Esquema (94) supone un porcentaje muy alto (87,2%), lo que confirma la relevancia sobre el resto que tiene el conjunto de estas explotaciones más influyentes.

Con respecto a las importaciones en este grupo, encontramos cifras muy similares tanto en las procedentes de animales del Núcleo Base como en las que provienen del Núcleo de Selección (77 y 97 animales respectivamente). Esto refleja que las explotaciones de élite no adquieren muchos animales del Núcleo Base al contrario que el resto de ganaderías pertenecientes al Núcleo de Selección donde el flujo de importaciones desde el estrato inferior es bastante significativo.

La tabla 3 refleja la relación de las ganaderías denominadas de élite que son: AQ, CA, CH, CO, DA, DK, EF,

FA, JM y MP. Observamos que 6 de ellas pertenecen a la CCAA andaluza (CA, CH, DK, EF, FA y JM) y 4 a la extremeña (AQ, CO, DA y MP).

Si comparamos los resultados del análisis realizado con los datos de las 10 ganaderías punteras incluidas en el NCC hace 15 años (Valera et al., 1995), 4 explotaciones que anteriormente no lo conformaban han entrado a formar parte del grupo de ganaderías influyentes (CA, CH, DK y EF) y 3 (CA, CH y EF) si lo contrastamos en cambio con el núcleo de ganaderías de élite de la Raza Retinta descrito en 1999 (Valera et al., 1999).

La explotación AQ, que no aparece en el primer estudio que se realizó con los datos hasta 1990, entró a formar parte en el Esquema en 1995, motivo por el que no se incluía en el grupo de las ganaderías de élite entonces.

Según nuestros resultados, las ganaderías que han generado mayor número de descendientes han sido JM y DK con 1186 y 1031 crías respectivamente, interrumpiéndose así la tónica de los otros dos estudios previos en los que JM era habitual junto con MP, que ocupa el tercer puesto, en lo que a número de crías se refiere en la actualidad. Estas tres explotaciones representan más del 15% de las crías producidas por el total de 64 ganaderías del Núcleo de Control Cárnico de la Raza Retinta en la actualidad.

Explotaciones como MP y JM son las que mayor cantidad de sementales que cubren exclusivamente en su misma explotación de nacimiento poseen, situación que debe controlarse para evitar el aumento de los niveles de consanguinidad.

Núcleo seleccionado de las ganaderías del Núcleo de Control Cárnico	AQ	CA	CH	CO	DA	DK	EF	FA	JM	MP	Total
Crías: Nº de crías producidas dentro del NCC	803	624	467	205	886	1031	539	869	1186	919	7529
S₁: Sementales (propios+importados de G ₂) que han generado crías de cada una de las ganaderías G ₁	38	20	9	17	29	32	21	45	57	63	325
S₂: Sementales de G ₁ que han tenido crías en G ₁	36	9	9	15	27	25	11	42	56	63	293
S_{2a}: Sementales de G ₁ que han tenido crías dentro de su propia explotación de nacimiento exclusivamente	11	2	9	8	14	5	11	31	46	37	174
S_{2b}: Sementales de G ₁ que han tenido crías en otras ganaderías diferentes a la de su nacimiento pero pertenecientes a G ₁	25	7	0	7	13	20	0	11	10	26	119
S₃: Sementales que G ₁ adquiere para generar su efectivo ganadero procedentes de G ₂	2	11	0	2	2	7	10	3	1	0	38
G₂: Nº de ganaderías de las que proceden los sementales que han utilizado las ganaderías del NCC (Sementales importados)	2	8	0	1	1	6	6	3	1	0	15
G₃: Nº de ganaderías del NCC + otras ganaderías en las que han intervenido sementales procedentes de las G ₁	28	10	0	18	17	22	1	16	27	36	82
Crías en G₃	1080	754	453	232	1075	1073	630	1394	966	1489	9146
Crías adquiridas por G₁ (del Núcleo Base)	13	2	0	1	1	4	53	2	1	0	77
Crías adquiridas por G₁ (de otras ganaderías de G ₁ o núcleo de selección)	14	8	2	4	1	57	6	3	1	1	97

Tabla 3. Estudio desglosado de las ganaderías con mayor nivel de influencia en el Núcleo de Control Cárnico del Esquema de Selección de Vacuno Retinto

Las ganaderías que mayor número de padres exportan en el núcleo de selección son MP y AQ incrementando el flujo de genes y las conexiones dentro del mismo. Así mismo, estas dos ganaderías son las que exportan su genética a mayor número de explotaciones tanto del Núcleo de Selección como del Núcleo Base. A estas dos ganaderías junto a FA, DA y DK pertenecen los sementales que han tenido por encima de 1000 crías tanto en explotaciones del núcleo de selección como del núcleo base.

En lo que a importaciones se refiere CA, EF y DK son las que más sementales han adquirido en ganaderías del Núcleo Base recuperando así animales de un estrato inferior para "refrescar sangre". Además EF destaca por ser la que más número de crías ha adquirido de ganaderías del núcleo base y DK por adquirirlas en ganaderías del Esquema.

También podemos destacar que explotaciones como CO y MP son las ganaderías que menor ratio poseen (entre 12 y 15) para número de crías propias/seméntales utilizados para formar su efectivo ganadero (propios+importados), son por tanto las que mayor número de sementales emplean para obtener sus crías frente a las más de 50 crías por semental de CH, hecho éste significativo puesto que esta misma ganadería no realiza exportaciones ni importaciones de ningún tipo y sería muy conveniente que llevara a cabo acciones para conectar con el resto de ganaderías y para evitar posibles problemas derivados de un previsible aumento de la consanguinidad.

Con todos estos datos podemos concluir que las explotaciones eminentemente exportadoras son JM y MP,

mientras que EF y CA destacan por ser las que más sementales importan y de nuevo EF, pero esta vez junto a DK, son las que importan mayor número de vacas y novillas para futuras reproductoras.

De este sistema de intercambio de animales entre las ganaderías dependerán en gran medida los niveles de consanguinidad así como la posibilidad de interconexión genética.

Según Vu Tien Khang (1983) la variabilidad genética puede ser estudiada a partir de la estimación de la varianza genética de parámetros cuantitativos, el análisis del pedigrí y la descripción de genes visibles y marcadores (como los moleculares) en una población. El análisis del pedigrí es una herramienta fundamental para describir la variabilidad genética y su evolución a lo largo de las generaciones (Gutiérrez et al., 2003).

En la tabla 4 se representa el número de rebaños que proporcionan padres a los que le podemos atribuir la variabilidad de la población y el número efectivo de ganaderías que es aquel que hipotéticamente podría llegar a producir la misma variabilidad. En todos los casos los números actuales son superiores a los efectivos, lo que supone que un pequeño número de ganaderías se comporta como núcleo de selección proporcionando sementales al resto del grupo, es decir, que existe una desigual aportación de las distintas explotaciones al conjunto de genes de la población, algo que quedó ya reflejado al analizar las ganaderías de élite.

Se puede observar así mismo como este hecho se ha ido acentuando con el paso de las generaciones.

Padres			Abuelos			Bisabuelos		
Actual	Efectivo	%	Actual	Efectivo	%	Actual	Efectivo	%
86	21	24,41	50	14	28,0	37	12	32,43

Tabla 4. Nº de ganaderías a los que se les atribuye la mayor parte de la variabilidad de la población en el NCC de la Raza Retinta

El estudio del nivel de consanguinidad en una población es de enorme importancia en cuanto nos permite obtener una imagen de la estructura interna de una población. El tipo de cría empleada por el conjunto de criadores se ve reflejada en los porcentajes medios de consan-

guinidad de las crías producidas por cada semental.

La consanguinidad media obtenida en el NCC ha sido inferior al 5% para toda la población y del 9% para los animales endogámicos (tabla 5)

Consanguinidad media en todo el pedigrí	Coefficiente de parentesco	Animales endogámicos	Media de consanguinidad en animales endogámicos
4,18 %	1,24 %	10738	9,22%

Tabla 5. Estimaciones del coeficiente de consanguinidad y el de parentesco en el NCC de la Raza Retinta

Este valor medio indica un ligero incremento frente a estudios anteriores en los que alcanzaba un 3,6% en 1990 (Molina et al., 1995) y llegaba al 4,06 en 1998 (Valera et al., 1999). Este valor está de forma global lejos del porcentaje que se considera peligroso y, de seguir esta misma evolución, a corto plazo no va a suponer un riesgo para las ganaderías del NCC.

No obstante, también se aprecia un importante aumento en el número de animales consanguíneos que ha pasado del 33% del total de la población al 46% actual. Aunque hay que resaltar que la consanguinidad media ha descendido en los animales consanguíneos del 12,3% al 9,2%, lo cual es indicativo de una preocupación por parte del Esquema por no sobrepasar los límites peligrosos de éste parámetro (12% según la mayoría de los autores).

Observando la tabla 6 se puede comprobar que del núcleo de las 10 ganaderías más influyentes, 4 de ellas mantienen una F_{media} superior a la F_{media} encontrada para el conjunto del NCC de la raza Retinta. Son las ganaderías AQ y MP las que presentan el mayor porcentaje de

consanguinidad con un 11,9% y un 8,7% respectivamente, así mismo son las dos ganaderías que mantienen el mayor número de animales consanguíneos. Esta situación que puede llegar a ser peligrosa ya se reseñaba en el trabajo de Valera et al. (1999). Esto puede estar relacionado con el hecho de que ambas explotaciones son eminentemente exportadoras y pueden estar obviando la necesidad de importar animales para introducir sangre foránea (son ganaderías en las que la venta de genética es más importante que la propia venta de animales para cebo).

Hay que resaltar el hecho positivo que supone el descenso del nivel de F_{media} de los sementales con respecto a sus hijos en 9 de las 10 ganaderías, tendencia ésta que se invierte con respecto a 1998 cuando el índice aumentaba en la mayor parte de las ganaderías. Esto puede haber sido propiciado por las medidas que se han ido implantando a lo largo de estos años para fomentar el flujo de genes entre ganaderías y tratar de disminuir así los altos niveles de consanguinidad que se venían obteniendo en las últimas campañas en determinadas ganaderías.

NÚCLEO G	Nº de animales	F_{media} animales (%)	Nº animales $F>0$	F_{media} $F>0$ animales	Nº S $F>0$	F_{media} S (%)
AQ	803	11,9	711	13,41	28	14,67
CA	624	1,2	85	8,47	0	0
CH	467	5,1	194	12,5	1	6,3
CO	205	3	70	8,9	1	12,5
DA	886	7	470	13,3	14	14,2
DK	1031	2,7	503	5,47	12	2,87
EF	539	3,1	194	8,65	3	6,68
FA	869	3,7	533	6	9	9,58
JM	1186	4,5	867	6,12	19	7,02
MP	919	9,3	737	11,61	34	12,47

Tabla 6. Análisis del nivel de consanguinidad para cada una de las ganaderías seleccionadas en el NCC de la Raza Retinta

La evolución de la consanguinidad ha sido el parámetro más frecuentemente utilizado para cuantificar el grado de deriva genética que posee una población. En la figura 2 podemos comprobar la evolución del nivel de consanguinidad desde 1990 hasta la actualidad en el conjunto de todas las ganaderías del NCC. Se puede observar un aumento progresivo, muy patente en determinadas etapas, como la del periodo 2001 hasta la actualidad.

Para cuantificar la diferenciación genética existente entre las ganaderías de la raza Retinta pertenecientes al NCC, hemos estimado los estadísticos-F a partir del pedigrí según la metodología de Caballero y Toro (2002). Los valores de los parámetros FIS = - 0,033738 y FIT = 0,035785 sugieren que la consanguinidad de un individuo es inferior a la consanguinidad media de la ganadería a la que pertenece y superior a la consanguinidad media de la raza. Esto podría ser consecuencia del aisla

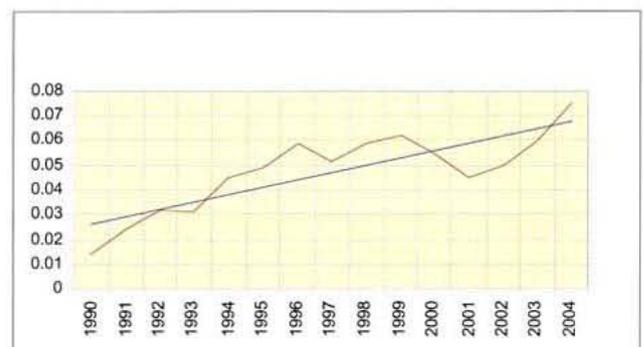


Figura 2. Evolución del nivel de consanguinidad en el NCC de la Raza Retinta

miento de las ganaderías dado que hemos encontrado un nivel medio de estructuración genética poblacional en la raza, de acuerdo con el valor encontrado para el parámetro $F_{ST} = 0,067253$. Este valor indica que el 6,7 % de la variabilidad genética total es debida a diferencias entre ganaderías, el resto se debe a diferencias entre individuos.

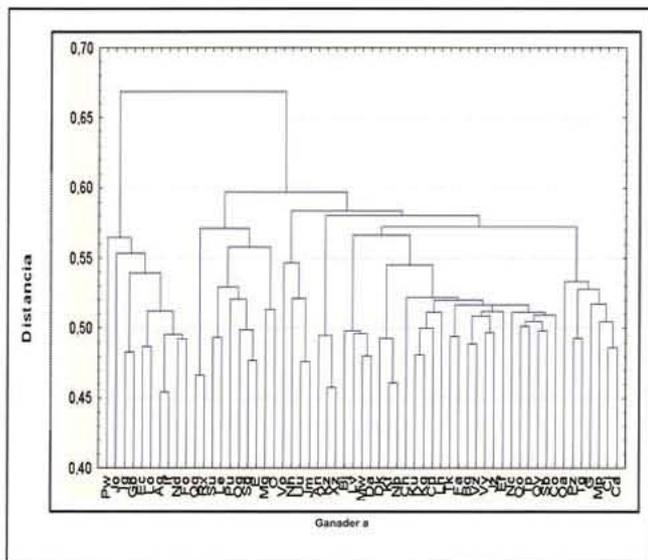


Figura 3. Análisis cluster de las distancias genéticas a partir del grado de parentesco medio entre los animales de las diferentes ganaderías del NCC de la Raza Retinta

En la figura 3 observamos el cladograma constituido con la distancia basada en el parentesco medio que para esta población está en torno al 1,24%. Éste nos permiten determinar la proximidad genética entre ganaderías, lo que puede ser utilizado como instrumento a la hora de tomar decisiones sobre la procedencia de los animales que se deben adquirir, si se quiere luchar de forma más afectiva contra la consanguinidad.

En la figura existen dos grandes núcleos bastante separados genéticamente, el primero de ellos mucho más pequeño que el segundo. En este pequeño grupo podemos incluir las siguientes ganaderías: PW, JO, IG, GB, EC, LO, AQ, IF, ND y FO, el bloque mayor está constituido a su vez por tres subgrupos, el primero de ellos lo integran: QQ, RX, SU, LE, PU, OG, SQ, E, MG y O, en el segundo entrarían a formar parte: VO, NH, UU y JM, el último de ellos está compuesto por el resto de ganaderías.

Observamos que cada una de las ganaderías más consanguíneas (AQ y MP) pertenecen a grupos distintos con lo que lo recomendable para cada una de ellas, y para el total de las del núcleo de selección, sería adquirir animales de las explotaciones más alejadas genéticamente, esto es, aquellas incluidas en grupos diferentes a los suyos.

Por ejemplo, en el caso de MP, lo ideal es que adquiera animales en primer lugar de alguno de los tres prime-

ros grupos y subgrupos antes descritos puesto que ésta explotación pertenece al cuarto y en caso de optar por ganaderías de su mismo subgrupo, tendría que escoger cualquiera que no fuese OA, PZ, TG, G, CJ o CA ya que éstas ganaderías son las que están más próximas a ella.

CONCLUSIONES

El análisis del flujo de sementales, el estudio de la producción ganadera, la determinación de la estructura de la población y la especificación del nivel de variabilidad de la misma, son instrumentos de valoración que, tanto el ganadero como el técnico, no deben olvidar en el momento de tomar las decisiones sobre la elección de los reproductores que han de utilizar y la organización de los acoplamientos.

Los resultados obtenidos en este estudio indican que desde el punto de vista del esquema de selección se están empezando a realizar prácticas reproductivas adecuadas para la difusión de la mejora dentro de las ganaderías que integran el libro genealógico de la raza (introducción en las explotaciones de animales procedentes de otras explotaciones, inseminación con semen procedente de animales que han sido calificados como sobresalientes y que pertenecen al programa de inseminación artificial controlado por el Esquema de Selección ..). No obstante algunas ganaderías consideradas de élite deben introducir genes de otras si no quieren incrementar sus niveles de consanguinidad ya que en estas empiecen a aparecer manifestaciones típicas de la depresión por consanguinidad.

La estimación de la distancia genética entre ganaderías en función del parentesco genealógico medio puede ser una buena herramienta para luchar contra la consanguinidad y para mejorar el grado de conexión para las valoraciones genéticas.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido realizado dentro del Convenio de colaboración suscrito entre la Asociación Nacional de Criadores de Ganado Vacuno Selecto de Raza Retinta y el Grupo de Investigación MERAGEM (AGR-158) para la ejecución técnica del Esquema de Selección del Vacuno de Raza Retinta. Los autores quieren agradecer a los responsables del programa informático Endog v3.0. Dr. Félix Goyache y Dr. Juan Pablo Gutiérrez su colaboración.

BIBLIOGRAFÍA

Boichard, D., Maignel, L., Verrier, E., 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29, 5-23.

Caballero, A.; Toro, M.A., 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conservation Genetics* 3, 289-299.

Cañón, J., J.P. Gutiérrez, S. Dunner, F. Goyache and M. Vallejo. 1994. Herdbook analyses of the Asturiana beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* 26:65-75.

Goyache, F., Gutiérrez, J.P., Fernández, I., Gómez, J., Álvarez, I., Díez, J., Royo, L.J., 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered population: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.* 120, 95-103.

Gutiérrez, J.P., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Cañón, J., Piedrafita, J., 2003. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* 35, 43-64.

Gutiérrez, J., Goyache, F., 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122: 172-176.

Lacy, R.C., 1989. Analysis of Founder Representation in Pedigrees: Founder Equivalent and Founder Genome Equivalents. *Zoo Biol* 8:111-123.

Molina, A., A. Rodero y M. Valera. 1995. Análisis Genético de los Niveles de Consanguinidad en la Raza Retinta. *Arch. Zootec.* 44: 257-265.

Robertson A. 1953. A numerical description of breed structure. *J. Agric. Sci.* 43: 334-336.

Serrano, I., M. Mayer, A. Rodero and A. Molina. 1994. Inbreeding Situation in a Retinto Beef cattle Population. *Arch. Zootec.* 43:273-280.

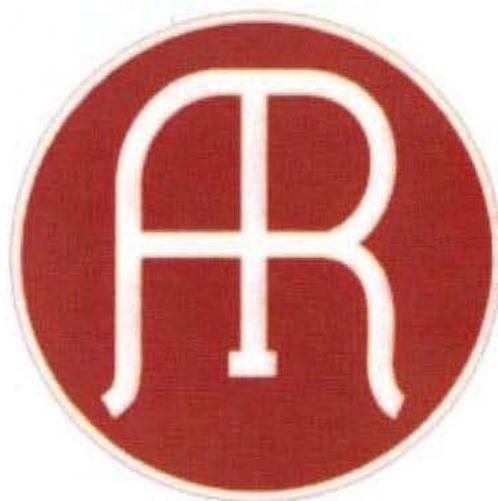
Valera, M., A. Molina y A. Rodero. 1995. Análisis del flujo de sementales retintos. *Arch. Zootec* 44: 165-171.

Valera, M., Molina, A., Jiménez, J.M., García, J.M., Rodero, A. 1999. Flujo de genes en el núcleo de selección del vacuno de carne de Raza Retinta. *FEAGAS* 16: 93-96.

Vu Tien Khang J., 1983. Méthodes d'analyse des données démographiques et généalogiques dans les populations d'animaux domestiques, *Génét. Sel. Évol.* 15: 263-298.

Wright, S., 1931. Evolution in mendelian population. *Genetics* 16, 97-159.

Asociación Nacional de Criadores de Ganado Vacuno Selecto de Raza Retinta



Murcia, 5 - 1º A - 28045 Madrid
Tf: 91 468 22 05 - Fax: 91 467 80 00
E-mail: razaretinta@retinta.es