

Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina

F. Goyache^{1,*}, I. Fernández*, M.A. Espinosa**, L. Payeras**, L. Pérez-Pardal*, J.P. Gutiérrez***, L.J. Royo*, I. Álvarez*

* Área de Genética y Reproducción Animal; SERIDA-Somío, C/ Camino de los Claveles 604, 33203 Gijón (Asturias)

** Associació de Ramaders de l'Ovella de Raça Mallorquina, Can Sureda s/n 07509 Son Macià, Manacor (Mallorca), Illes Balears

*** Departamento de Producción Animal, Facultad de Veterinaria de la Universidad Complutense de Madrid, Avda. Complutense s/n (28040-Madrid)

Resumen

Se ha analizado la información disponible de 6273 animales inscritos en el Libro Genealógico de la Oveja de raza Mallorquina. Se conocían el 34,3% de los padres de los animales registrados y el 7,6% de los abuelos. El intervalo generacional medio en la raza se situó en 3,7 años. El número efectivo de rebaños fundadores (11,1) fue, aproximadamente una cuarta parte del real. El número efectivo de rebaños que proveyeron machos reproductores fue de 8,8 para padres y 3,8 para abuelos. El número equivalente de animales fundadores asciende a 4122, lo que supuso el 66% del total de animales analizados. El número efectivo de animales fundadores fue de 704 (17% de los 6184 fundadores equivalentes). El número efectivo de ancestros que explicarían totalmente la variabilidad genética de la población Mallorquina es de 90. Los valores medios de consanguinidad, relación media y número equivalente de generaciones discretas para los animales analizados fueron de 0,24%, 0,17% y 0,43, respectivamente. Sólo se encontraron 121 animales consanguíneos que presentaron valores medios para los parámetros anteriores de 17,93%, 0,92% y 1,91, respectivamente. Asimismo, se han detectado cuellos de botella locales (dentro de explotación) que provocan la aparición de animales consanguíneos, que pueden ser resueltos con una mínima planificación de los apareamientos sin que exista peligro aparente para la variabilidad genética de la raza.

Palabras clave: genealogías, contribución genética, número efectivo, fundadores, ovino, estructura de la población.

Summary

Demographic and genetic analysis of the Mallorquina sheep flockbook

Information from 6273 registered in the flockbook of the Mallorquina sheep breed was analysed. Up to 34.3% of the individuals had registered parents and 7.6% registered grand-fathers. Average generation interval was 3.7 years. The effective number of founder herds (11.1) was roughly a quarter of the real one. The effective number of herds supplying rams was 8.8 for fathers and 3.8 for grand-fathers. The equivalent number of founders was 4122 which was 66% of the total analysed animals. The effective number of founders was 704 (17% of the equivalent number of founders). The effective number of ancestors for the Mallorquina population was 90, and 50 ancestors would explain 50% of the total genetic variability of the population. Average values for inbreeding, average relatedness and equivalent to discrete generations were 0.24%, 0.17% and 0.43, respectively. Only 121 inbred individuals were found with average values for the former parameters of 17.93%, 0.92% and 1.91. A few within-flock bottlenecks have been detected and, as a consequence, inbred individuals appeared. However, no risk for the genetic variability of the breed arose.

Key words: genealogies, genetic contribution, effective number, founders, ovine, population structure.

1. Autor para correspondencia: Tel. +34 985 19 53 03; Fax +34 985 19 53 10; e-mail: fgoyache@serida.org

Introducción

Los recursos genéticos animales se encuentran entre los bienes más valiosos y estratégicamente importantes que posee un país. Las principales razones para conservar razas de ganado en Europa son las de hacer posible su utilización en el futuro y las razones culturales (Simon, 1999). Las acciones de conservación, entre las que destaca la puesta en marcha de Libros Genealógicos que permiten la identificación sistemática de los animales y la planificación de apareamientos en pureza, tienen como finalidad el mantenimiento del acervo genético de las poblaciones amenazadas (Goyache *et al.*, 2003). El análisis de la información registrada en los Libros Genealógicos permite conocer en profundidad la historia y estructura genética de las poblaciones ganaderas y ha sido ampliamente utilizada en ganado bovino (Gutiérrez *et al.*, 2003), equino (Valera *et al.*, 2005; Cervantes *et al.*, 2009) y ovino (Huby *et al.*, 2003).

La oveja Mallorquina está incluida como raza de protección especial en el Real Decreto 1662/1997, de 7 de noviembre, por el que se actualiza el Catálogo Oficial de Razas de Ganado de España. Es una raza antigua, de gran rusticidad y alta capacidad de adaptación a medios difíciles con condiciones ambientales de sequías y altas temperaturas. Desde 1996 funciona la Associació de Ramaders de l'Ovella de Raça Mallorquina al objeto de la defensa y mejora de la raza. En 2001 el Libro Genealógico gestionado por la Associació de Ramaders fue reconocido oficialmente por el Govern Balear. La raza se encuentra distribuida por todo el territorio de la isla de Mallorca, aunque su mayor concentración se encuentra en el sureste de la misma, con especial importancia en los municipios de Artá, Manacor, Felanitx y Lluchmajor (Esteban Muñoz, 2003). La raza Mallorquina es la población ovina au-

tóctona de mayor censo de las Islas Baleares, especialmente respecto de la raza Roja Mallorquina, cuyos efectivos son de menos de 1000 ejemplares (Esteban Muñoz, 2003). En todo caso, la oveja de raza Mallorquina representa un porcentaje muy pequeño del censo total de ganado ovino en las Islas Baleares, que se sitúa en las 394.631 cabezas, de las que 280.367 son hembras reproductoras (Conselleria d'Agricultura i Pesca, 2007).

El objetivo del presente trabajo es realizar un análisis de la información contenida en el Libro Genealógico de la oveja de raza Mallorquina para conocer la estructura genética de la población y mejorar las estrategias actuales de gestión de reproductores.

Materiales y Métodos

Se ha analizado el Libro Genealógico de la Oveja de raza Mallorquina con los datos disponibles hasta el 1 de febrero de 2006. Esteban Muñoz (2003) ha realizado recientemente una detallada descripción de la historia y evolución de la raza ovina Mallorquina, así como de sus censos y cualidades productivas. A efectos descriptivos se han realizado tablas de frecuencias de número animales (según sexo y año de nacimiento) y ganaderías activas cada año, así como una descripción de la estructura de edad de los animales vivos inscritos en el Libro Genealógico con el paquete estadístico SAS/STAT (1999, SAS Institute, Inc.).

Mediante el programa ENDOG v4.6 (Gutiérrez y Goyache, 2005) se ha realizado un análisis del Libro Genealógico de la raza Mallorquina para conocer: a) su estructura demográfica, b) la concentración del origen de los genes y c) la evolución de la endogamia y la representación genética de los animales en la población.

Estructura demográfica de la raza Mallorquina

Se han analizado los siguientes parámetros:

- el porcentaje de utilización de carneros propios en el rebaño (Vasallo *et al.*, 1986). Mediante este criterio los rebaños incluidos en el Libro Genealógico se clasificarían como núcleos si nunca usan carneros nacidos en otros rebaños, multiplicadores si compran y venden carneros y comerciales si sólo utilizan carneros nacidos en otros rebaños. Los rebaños multiplicadores se dividen en dos niveles (1 y 2) según usen carneros propios (1) o no (2).
- el intervalo generacional, definido como la edad media de los padres a la que nacen sus hijos que luego serán padres. Este parámetro se calculó para las cuatro vías (padre-hijo, padre-hija, madre-hijo y madre-hija) utilizando las fechas de nacimiento de cada individuo y la de sus padres.
- la integridad de la información del Libro Genealógico (MacCluer *et al.*, 1983), que mide la proporción de antepasados presentes en cada generación.
- número equivalente de generaciones discretas, calculado como la suma de $(1/2)^n$, siendo n el número de generaciones que separan el animal de su ascendiente conocido. Este parámetro mide la profundidad del pedigrí de forma comparable a la situación que se daría si en la base de datos no existieran generaciones solapadas. Los individuos sin ascendientes conocidos se asignaron a la generación base.

Concentración del origen de los genes

Se han analizado los siguientes parámetros:

- el número efectivo de rebaños que producen carneros padres, abuelos, bisabuelos y tatarabuelos (Robertson, 1953). Este parámetro se calcula como la inversa de

la probabilidad de que dos animales tomados al azar en la población procedan de carneros del mismo rebaño y resulta informativo sobre la concentración del origen de los animales.

- el número efectivo de fundadores f_e (James, 1972), definido como el número de fundadores que, contribuyendo en igual medida, producirían la diversidad genética existente en una población. Este parámetro se calcula como $f_e = \frac{1}{\sum_{i=1}^k q_i^2}$, en que q_i es la contribución genética del fundador i a la población.
- el número efectivo de ancestros (Boichard *et al.*, 1997), definido como el número de ancestros, fundadores o no, necesarios para explicar la variabilidad genética total de la población. Este parámetro es complementario al anterior ya que tiene en cuenta los posibles cuellos de botella que hay experimentado la población estudiada, y recoge la variabilidad genética aportada por un animal que no se explica por la contribución de alguno de sus hijos. La población de referencia sobre la que se calculó este parámetro fue la que utiliza el programa ENDOG por defecto, esto es, los animales vivos con padres conocidos.

Endogamia y representación genética

Se han analizado los siguientes parámetros:

- el coeficiente de endogamia (F), definido como la probabilidad de que un individuo posea dos genes idénticos por descendencia.
- el coeficiente de relación media (AR) (Goyache *et al.*, 2003; Gutiérrez *et al.*, 2003), definido como el porcentaje de representación genética de cada animal en el conjunto de la población. El coeficiente de relación media es la media de los coeficientes de coascendencia de cada animal con el resto de los animales de la población.

Resultados

El Libro Genealógico de la raza ovina Mallorquina contaba con un total de 8201 animales inscritos, de los que 1928 eran animales fundadores (sin genealogía conocida) que fueron dados de baja antes de aportar algún descendiente al Libro Genealógico por lo que fueron eliminados de sucesivos análisis. De los 6273 (5938 hembras) animales analizados, 5514 (5302 hembras) estaban vivos en el momento del análisis. El total de ganaderías que aportaron animales al Libro fue de 80 aunque el número de ellas que aportaron animales por año de nacimiento del animal fue muy variable, con un máximo de 53. En todo caso, el número de ganaderías que aportaron fundadores al análisis fueron 47 y las explotaciones que aportaron, al menos, 6 inscripciones de animales no fundadores al Libro Genealógico fue de 44. Un 42% de los animales de la población Mallorquina viva registrada tenía en el momento del análisis entre los 3 y 5 años de edad y un 20% de dos años o menos; los animales de 10 o más años de edad fueron el 5,5% de los vivos.

En la raza Mallorquina no se encontraron rebaños que actuaran como núcleos en la forma definida por Vassallo *et al.* (1986), utilizando exclusivamente sus propios sementales y produciendo carneros de los que se nutrirían los restantes rebaños (Tabla 2). Ningún rebaño utilizó exclusivamente sus propios animales como sementales, por lo que no se encontraron rebaños desconectados genéticamente. El 23% de los rebaños se clasificaron como multiplicadores ya que vendieron carneros independientemente de que usaran sus propios carneros como reproductores (18%) o no usaran sus propios carneros (5%). El resto de los rebaños serían rebaños comerciales que no vendieron machos reproductores. En cualquier caso, la utilización de sementales nacidos fuera del rebaño fue de un 72%. Estos resultados caracterizan una raza en la que existe una gran movilidad de reproductores.

La Figura 1 muestra el grado de integridad del pedigrí de la raza ovina Mallorquina. Se conocía el 34,3% de la información sobre los padres de los animales, el 7,6% de la información sobre los abuelos y algo más del 1% sobre los bisabuelos y tatarabuelos. A partir de la quinta generación la información disponible fue prácticamente nula. Por sexos la información disponible fue mayor en los machos que en las hembras, ya que se disponía de información de cerca del 7% de las abuelas paternas y el 9% de los abuelos paternos, mientras que en el caso de las abuelas y abuelos maternos no se superó el 5%.

El intervalo generacional medio en la raza se situó en 3,7 años (Tabla 3) siendo mayor por la vía madre que por la vía padre. El intervalo generacional más prolongado es el de la vía madre-hija (4,5 años). Cuando se consideran solamente los hijos de animales no fundadores utilizados como reproductores para el cálculo de los intervalos generacionales la situación cambia, siendo las vías más cortas las que afectaban al hijo macho (1,8 años).

La Tabla 4 muestra los valores de los parámetros que caracterizan la concentración de origen de un gen en la población Mallorquina. El número efectivo de rebaños fundadores (11,1) fue, aproximadamente, una cuarta parte del real (23,6%). El número efectivo de rebaños que proveyeron machos reproductores (Robertson, 1953) fue de 9 para padres (19% de los reales), 3,8 para abuelos, 3,7 para bisabuelos y 2,0 para tatarabuelos. Los animales fundadores fueron 3961 y, considerando medio-fundadores los animales de los que solamente se conoce uno de los dos padres, el número equivalente de animales fundadores ascendió a 4122, lo que supone el 66% de los animales analizados. El número efectivo de animales fundadores fue de 704 (17% del número equivalente de fundadores). El número efectivo de ancestros (Boichard *et al.*, 1997) que explicarían totalmente la variabilidad genética

Tabla 1. Pirámide de edades de los animales vivos inscritos en el Libro Genealógico de la raza Mallorquina

Table 1. Age structure of the live individuals registered in the Mallorquina sheep breed flockbook

Edad en años	N	Porcentaje
≤1	379	6,88
2	705	12,79
3	902	16,36
4	784	14,22
5	652	11,82
6	491	8,9
7	764	13,86
8	268	4,86
9	265	4,81
10	141	2,56
11	106	1,92
12	47	0,85
≥13	10	0,18

Tabla 2. Clasificación (según Vassallo *et al.*, 1996) de los rebaños incluidos en el Libro Genealógico de la raza ovina Mallorquina (con más de seis inscripciones) según la utilización de machos propios o ajenos. Los rebaños se consideran núcleo si nunca usan carneros nacidos en otros rebaños, multiplicadores si compran y venden carneros y comerciales si sólo utilizan carneros nacidos en otros rebaños. Los rebaños multiplicadores se dividen en dos niveles (1 y 2) según usen carneros propios (1) o no (2)

Table 2. Vassallo et al.'s (1996) classification of the flocks registered in the Mallorquina sheep flockbook according to the use of own or purchased rams. Flocks are classified as nucleus herds, if breeders use only their own rams, never purchase rams but sell them; multiplier herds, when breeders use purchased rams and also sell rams, and commercial herds if they never sell rams. The multiplier and commercial flocks are classified in two different levels (1 and 2) according the use of their own rams (1) or not (2)

Tipo de explotación	Número de Rebaños	Usa carneros comprados	Usa carneros propios	Vende carneros	Porcentaje de carneros comprados
Núcleo	0	No	Sí	Sí	0
Multiplicador 1	8	Sí	Sí	Sí	72
Multiplicador 2	2	Sí	No	Sí	100
Comercial 1	21	Sí	Sí	No	72
Comercial 2	13	Sí	No	No	100
Aislada	0	No	Sí	No	0

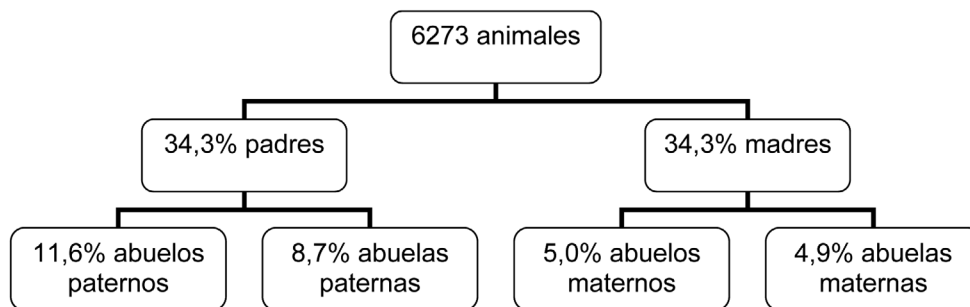


Figura 1. Detalle de la información de pedigrí en la oveja de raza Mallorquina hasta abuelos paternos y maternos

Figure 1. Detail of the pedigree information contained in the Mallorquina sheep breed flockbook up to the grand-fathers level

Tabla 3. Intervalos generacionales (\pm desviación estándar), en años, estimados para 4 vías padre - hijo en la oveja de raza Mallorquina, cuando se consideran todos los animales disponibles y cuando sólo reconsideran los hijos de los animales no fundadores

Table 3. Generation intervals (\pm standard deviation), in years, computed for the four father-offspring pathways in the Mallorquina sheep breed. Results are shown using all available data and using only the offspring of non-founder individuals

Vía padre – hijo	N	Años
Toda la población		
Carnero – hijo	31	3,0 \pm 1,4
Carnero – hija	232	3,0 \pm 1,1
Oveja – hijo	32	3,9 \pm 1,8
Oveja – hija	235	4,5 \pm 2,3
Media	532	3,7 \pm 1,9
Hijos de no fundadores		
Carnero – hijo	6	1,8 \pm 0,4
Carnero – hija	29	2,4 \pm 0,8
Oveja – hijo	3	1,8 \pm 0,5
Oveja – hija	22	2,2 \pm 0,9
Media	60	2,2 \pm 0,8

Tabla 4. Parámetros que caracterizan la concentración de origen de un gen en la población Mallorquina: número efectivo de rebaños que proveen machos reproductores según Robertson (1953), número real y efectivo (entre paréntesis) de rebaños fundadores, número real y efectivo de animales fundadores y número efectivo de ancestros

Table 4. Parameters characterising the probability of gene origin in the Mallorquina sheep breed: effective number of flocks providing rams (Robertson, 1953), real (in brackets) and effective number of founder flocks, real and effective number of founder individuals and Boichard et al.'s (1997) effective number of ancestors

Número real de rebaños fundadores	47
Número efectivo de rebaños fundadores	11,1
Número (efectivo) de rebaños que producen padres	32 (8,8)
Número (efectivo) de rebaños que producen abuelos	9 (3,8)
Número (efectivo) de rebaños que producen bisabuelos	6 (3,7)
Número (efectivo) de rebaños que producen tatarabuelos	2 (2,0)
Número equivalente de animales fundadores (un padre desconocido = medio fundador)	4122
Número de animales fundadores con los dos padres desconocidos	3961
Número efectivo de animales fundadores	704
Número de animales en la población de referencia	1990
Número de ancestros en la población de referencia	1310
Número efectivo de ancestros	90
Número de ancestros que explican el 50% de la variabilidad	50

de la población Mallorquina fue de 90, y 50 ancestros explicarían el 50% de la variabilidad genética de la población.

La Tabla 5 es una lista de los 10 fundadores y ancestros (fundadores o no) de mayor contribución genética al Libro Genealógico de la raza ovina Mallorquina. El fundador y ancestro de mayor importancia fue el 7081, un carnero que explicó el 1,9% y el 5,8%, respectivamente, de la variabilidad genética de la raza. El segundo mayor fundador fue el carnero 582 (1,3%) y el segundo mayor ancestro fue el 805 (3,8%), carnero hijo del cuarto mayor fundador de la raza (581). En todo caso la variabilidad explicada por los fundadores y ancestros listados fue muy baja y a partir del cuarto fundador cada animal explicó menos de un 1% de la variabilidad, siendo, además, la mayor parte de ellos animales nacidos hace pocos años.

La suma de las contribuciones (Tabla 6) de los fundadores o ancestros provenientes de cada explotación informa sobre la importancia de éstas en la formación de la raza Mallorquina. La explotación cuyos fundadores contribuyeron en mayor medida al Libro Genealógico fue la 330292 (12,1%) que se identificó como la cuarta de más importancia en cuanto ancestros. Las 5 primeras explotaciones para fundadores explicaron un 43,8% de la variabilidad genética de la raza mientras que las 5 primeras para ancestros explicaron un 62,6% de la variabilidad, lo que implica una tendencia a la concentración de los pedigrees en unos pocos animales de unas pocas explotaciones. Las cuatro primeras explotaciones para ancestros explican el 53,6% de la variabilidad. En ese mismo sentido, los 10 rebaños listados para fundadores recogen el 61,3% de la variabilidad genética de la raza, mientras que los 10 rebaños listados para ancestros recogen el 81,3%.

Tabla 5. Descripción de los 10 fundadores y de los 10 ancestros (fundadores o no) de mayor importancia en el Libro Genealógico de la raza ovina Mallorquina. Se describe la identificación de los animales, de sus padres y madres, el sexo, el año de nacimiento la relación media (AR) de los fundadores y la contribución (Boichard et al., 1997) de los ancestros, ambos en porcentaje

Table 5. Description of the 10 major founders and ancestors (founders or not) in the Mallorquina sheep flockbook. The table lists the identification of the individuals, their fathers and mothers, their sex and year of birth and, in percentage, the average relatedness (AR) for founders and the Boichard et al.'s (1997) contribution for ancestors

Fundador	Padre	Madre	Sexo	Año de nacimiento	AR
7081			Macho	2001	1,9
582			Macho	1997	1,3
4363			Macho	1999	1,0
581			Macho	1997	1,0
3151			Macho	1997	0,7
502			Macho	1997	0,7
4371			Macho	1999	0,6
8216			Macho	1902	0,6
3367			Macho	1901	0,5
279			Hembra	1995	0,5
Ancestro					Contribución
7081			Macho	1901	5,8
805	581		Macho	1999	3,8
582			Macho	1997	3,5
4363			Macho	1999	2,9
598	276	279	Macho	1998	2,2
3151			Macho	1997	2,1
502			Macho	1997	2,0
8216			Macho	2002	1,9
4371			Macho	1999	1,8
3367			Macho	1901	1,6

Los valores medios de consanguinidad, relación media y número equivalente de generaciones discretas para los animales analizados fueron de 0,24%, 0,17% y 0,43, respectivamente. Sólo se encontraron 121 animales consanguíneos (1,9% del total analizado), que presentaron valores medios para los parámetros anteriores fueron de 17,93%, 0,92% y 1,91, respectivamente. La Figura 2 muestra la evolución de la consanguinidad (F), la relación media (AR) y equivalentes a generaciones discretas en los animales analizados en el Libro Genealógico de la raza ovina Mallorquina. La consanguinidad apa-

reció a partir de 2001 como consecuencia del ligero incremento en la profundidad de pedigrí (0,28 equivalentes a generaciones discretas). La consanguinidad media de los animales nacidos en 2005 llegó al 2,7%, cuando en años anteriores era menor del 1%. Sin embargo los valores de AR fueron siempre bajos (0,6% en los animales nacidos en 2005) por lo que la aparición de animales consanguíneos podría deberse a planificaciones de apareamientos puntuales en ganaderías concretas, sin que resulte un problema para la variabilidad genética de la raza.

Tabla 6. Listado de los 10 rebaños de mayor importancia en el Libro Genealógico de la raza ovina Mallorquina seleccionados por la contribución de sus fundadores y ancestros. Se describe la identificación de la explotación, el número de fundadores (o ancestros) que aportan (N) y la aportación (en porcentaje) genética a la población por fundadores (AR) y por ancestros (Contribución)

Table 6. List of the 10 major flocks for founders and ancestors in the Mallorquina sheep flockbook. It is described the identification of the flock, the number of founders or ancestors (N) and, in percentage, the average relatedness (AR) and the Boichard et al.'s (1997) contribution per flock

Fundadores			Ancestros		
Explotación	N	AR (%)	Explotación	N	Contribución (%)
330292	509	12,1%	330083	56	14,6%
410026	371	10,6%	410026	196	14,2%
330305	381	8,9%	330069	131	12,9%
330069	189	7,1%	330292	108	11,8%
220035	282	5,1%	330305	179	9,0%
330083	46	4,8%	310016	51	4,4%
220140	153	3,6%	330199	53	4,0%
310016	130	3,6%	330339	41	3,7%
330199	95	2,8%	220140	54	3,7%
330306	113	2,7%	330046	37	2,7%

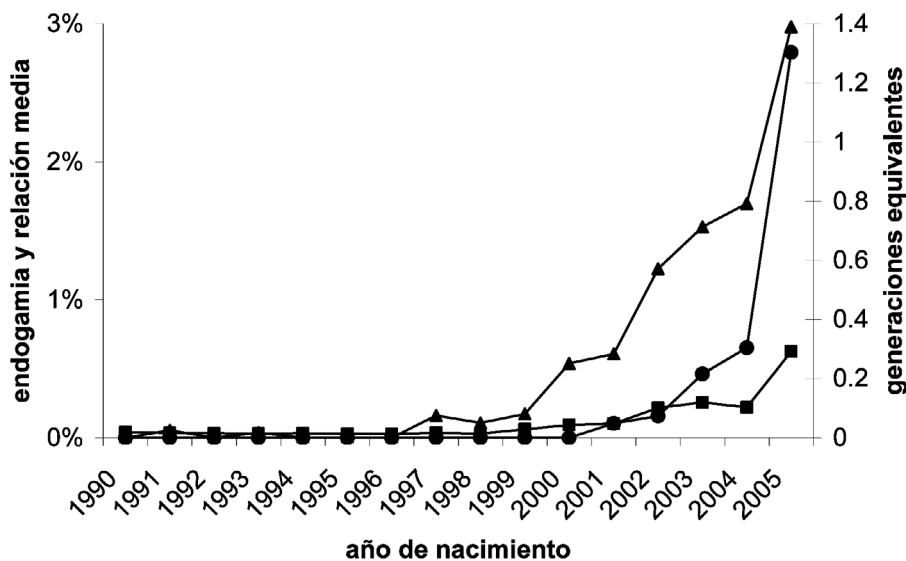


Figura 2. Variación de la endogamia (círculos) y relación media (AR; cuadrados), ambos expresados en porcentaje, en la raza Mallorquina por año de nacimiento de los animales inscritos en Libro Genealógico. Asimismo se muestran los valores medios de generaciones equivalentes (triángulos)
 Figure 2. Variation of the inbreeding (circles) and average relatedness (AR; squares), in percentage, according to year of birth of the individuals registered in the Mallorquina sheep flockbook. Additionally, the values for the discrete generation equivalents are shown (triangles)

Discusión

Aunque el Libro Genealógico de la oveja de raza Mallorquina dispone de registros de animales nacidos desde comienzos de los 90 el inicio real de su funcionamiento se llevó a cabo en los años finales de la década, con aparición de alguna genealogía en 1998. En ese sentido, cabe destacar el esfuerzo de recuperación de animales realizado por la Associació de Ramaders lo que ha permitido tener una amplia base genética para la recuperación consistente en dos tercios de los animales inscritos hasta la actualidad. Por el contrario, el escaso periodo de tiempo transcurrido desde el inicio del funcionamiento efectivo del Libro Genealógico no ha permitido acumular gran cantidad de genealogías pero permite conocer el flujo de genes existente en la raza. Disponer de un 34,3% de padres conocidos puede considerarse normal teniendo en cuenta el gran número de animales fundadores y las dificultades objetivas de obtención de genealogías en ganado ovino. En ese sentido, Huby *et al.* (2003), en seis razas francesas de carne encuentra un porcentaje de animales con los dos padres conocidos que oscila entre el 25 y el 79% para los animales nacidos en los tres últimos años de los treinta de registro genealógico disponibles en algunos casos. Alfonso *et al.* (2006), en Latxa Cara Negra Navarra sometida a control de rendimiento lechero, analizan un pedigrí en que sólo se conocían los dos padres en el 26% de los animales y el 46% carecían de genealogías, señalando las dificultades para obtener genealogías en ganado ovino. Los mismos autores señalan que el porcentaje de animales con ambos padres conocidos en Latxa Cara Rubia y Carranzana es de, aproximadamente, el 20 y el 8%. Estas dificultades han provocado que el número de estudios genealógicos en ganado ovino sea más bien escaso.

Otro aspecto que hace que sea difícil la acumulación de genealogías, especialmente en la vía hembra es el periodo relativamente largo de intervalo generacional entre oveja e hija (4,7 años). Aunque el intervalo intergeneracional medio está en el límite inferior calculado por Huby *et al.* (2003) en seis razas francesas de carne (oscilando entre 3,4 y 4,1 años) la vía madre es notablemente superior a esas razas (oscilando entre 3,8 y 4,5 años). Estos resultados son mayores que los de la raza Xalda de Asturias (3 años; Goyache *et al.*, 2003), población en grave riesgo y de censos muy reducidos cuyos ganaderos realizan un gran esfuerzo de recría. Sin embargo, en razas cuyos censos están formados por animales fundadores cuya carrera reproductiva registrada suele empezar en edades tardías los valores del intervalo entre partos pueden estar sesgados y conviene considerar los calculados utilizando exclusivamente la recría de animales no fundadores. Los intervalos generacionales para los animales no fundadores son notablemente más cortos que para la población general, lo que caracteriza el esfuerzo de cría de los ganaderos y explica la tendencia al rejuvenecimiento de la población que se resume en la Tabla 1. En este caso, los intervalos para producir un semental son siempre más cortos que para producir una hembra reproductora (1,8 frente a más de 2 años) independientemente de considerar la vía madre o padre. Los resultados encontrados en la raza Mallorquina caracterizan un sistema de selección que da gran importancia a la reposición de hembras; los ganaderos precisan más información del rendimiento de un carnero y una oveja antes de decidir que una de sus hijas pase a formar parte de la recría. En todo caso, los intervalos generacionales generales de la raza Mallorquina son comparables con otros valores encontrados en la bibliografía: Prod'Homme y Lauvergne (1993) en un rebaño cerrado de raza Rambouillet calcula

intervalos de 2,2 y 4,1 años para la vía padre y de 3,9 y 5,6 para la vía madre; Djellali *et al.* (1994) encuentran intervalos generacionales medios para las razas Solognote y Merino precoz de entre 2,5 y 3,5 años para la vía padre y de 4,5 años para la vía madre.

Asimismo, el análisis del Libro Genealógico de la oveja de raza Mallorquina permite conocer el flujo de genes existente en la raza. No hay rebaños desconectados genéticamente; todos utilizan carneros nacidos en otros rebaños. Este hecho provocará, a medio plazo, un aumento del parentesco medio dentro de la raza pero limitará el peligro de que los animales de cada ganadería alcancen grados preocupantes de consanguinidad. En todo caso, existen rebaños más eficientes en la recolección de genealogías y que acumulan sus genes (al menos de forma registrada) en la población presente. Estos rebaños no funcionan individualmente como núcleos donantes de sementales al resto de la población sino que comparten sementales entre ellos siendo por tanto, un grupo de selección más difuso que los definidos de forma clásica (Vassallo *et al.*, 1996). Este hecho se demuestra en que si bien 32 explotaciones producen carneros para padrear, las contribuciones de los rebaños están desequilibradas lo que hace que el número efectivo de rebaños para producción de padres (Robertson, 1953) se reduzca a 9.

La base genética de la raza es muy grande, con más de 1000 ancestros que explican la variabilidad genética de la raza. La acumulación de genealogías en unas pocas ganaderías hace que el número efectivo de ancestros (ancestros que contribuirían equitativamente para explicar la variabilidad genética de la raza; Boichard *et al.*, 1997) se reduce a 91 lo que se explica por la presencia de cuellos de botella locales en esas explotaciones. La raza Mallorquina presenta unas medias de consanguinidad y relación media bajas, como resultado de unas genealogías todavía ralas.

Los valores de este parámetro están ligados a la profundidad del conocimiento del pedigrí. Los animales consanguíneos se han acumulado en los últimos seis años y son muy pocos respecto del total de los animales inscritos en el Libro genealógico. Sin embargo, los animales consanguíneos en la población Mallorquina presentan valores de relación media muy bajos. Este bajo grado de relación media entre los animales consanguíneos de la población hace pensar que la consanguinidad encontrada es resultado de la existencia de políticas apareamientos particulares en rebaños concretos que pueden presentar puntualmente un alto grado de endogamia que puede resolverse mediante una mínima planificación de los cruzamientos. El coeficiente *AR* sirve para estimar la consanguinidad a largo plazo originada por el hecho de utilizar un reproductor. Independientemente de que un animal tenga un coeficiente de consanguinidad muy alto porque sus padres tengan antepasados comunes, un coeficiente *AR* bajo significa que un animal comparte un porcentaje pequeño de genes con el resto de la población, por lo que será fácil encontrar individuos con los que pueda aparearse sin crear consanguinidad en los futuros descendientes.

Conclusiones

El Libro genealógico de la raza Mallorquina ofrece una información útil para la realización de acciones de conservación de la variabilidad genética de la raza. Las genealogías se acumulan en un cierto número de ganaderías que son las que presentan un mayor grado de implicación en el esquema de cría de la raza. Asimismo, se ha detectado políticas de cruzamientos dentro de explotación (probablemente realizados en busca de fenotipos deseables) que provocan la aparición de animales consanguíneos. Sin embargo, el flujo de genes

entre ganaderías parece ser importante y limitará, en su caso, la aparición de consanguinidades medias preocupantes para el conjunto de la población. Estos resultados pueden ser útiles a la Associació de Ramaders de l'Ovella de Raça Mallorquina para la mejora de su programa de cría y el mantenimiento de la variabilidad genética de la raza.

Agradecimientos

Este trabajo ha sido financiado parcialmente por el MEC-INIA mediante el proyecto RZ2004-00007-C02.

Bibliografía

- Alfonso L, Parada A, Legarra A, Ugarte E, Arana A, 2006. Effects on genetic variability of selection against scrapie sensitivity in the Latxa black-faced sheep. *Genet. Sel. Evol.* 38: 495-511.
- 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.
- Cervantes, I., Gutiérrez, J.P., Molina, A., Goyache, F., Valera, M. (2009) Genealogical analyses in open populations: the case of three Arab-derived Spanish horse breeds. *J. Anim. Breed. Genet.* 126, 335-347.
- Conselleria d'Agricultura i Pesca, 2007. Estadístiques bàsiques de l'agricultura, la ramaderia i la pesca a les Illes Balears. <http://www.caib.es/sacmicrofront/archivopub.do?ctrl=MCRST72ZI51209&id=51209> (último acceso el 19 de octubre de 2009).
- Djellali A, Vu Tien Khang J, de Rocambeau H, Verrier E, 1994. Bilan génétique des programmes de conservation de races ovines Solognote et Mérinos précoce. *Genet. Sel. Evol.* 26 Suppl 1: 255s-265s.
- Esteban Muñoz C, 2003. Razas ganaderas españolas ovinas. Edición de MAPA y FEAGAS, 470 pp.
- Goyache F, Gutiérrez JP, Fernández I, Gómez E, Álvarez I, Díez J, Royo LJ, 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.* 120: 95-103.
- Gutiérrez JP, Goyache, F., 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122: 172-176.
- Gutiérrez JP, Altarriba J, Díaz C, Quintanilla R, Cañón J, Piedrafita J, 2003. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* 45: 43-63.
- Huby M, Griffon L, Moureaux S, Rochambeau H de, Danchin-Burge C, Verrier E, 2003. Genetic variability of six French meat sheep breeds in relation to their genetic management. *Genet. Sel. Evol.* 35: 637-655.
- James JW, 1972. Computation of genetic contributions from pedigrees. *Theor. Appl. Genet.* 42: 272-273.
- MacCluer J, Boyce B, Dyke L, Weitzkamp D, Pfening A, Parsons C, 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *J. Hered.* 74: 394-399.
- Prod'Homme P, Lauvergne JJ, 1993. The Merino Rambouillet flock in the National Sheep Fold in France. *Small Rumin. Res.* 10: 303-315.
- Robertson A, 1953. A numerical description of breed structure. *J. Agric. Sci.* 43: 334-336.
- Valera M, Molina A, Gutiérrez JP, Gómez J, Goyache F, 2005. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livest. Prod. Sci.* 95: 57-66.
- Vassallo JM, Díaz C, García-Medina JR, 1986. A note on the population structure of the Avileña breed of cattle in Spain, *Livest. Prod. Sci.* 15: 285-288.
- Simon DL, 1999. European approaches to conservation of farm animal genetic resources. *AGRI*, 25: 79-99.

(Aceptado para publicación el 23 de octubre de 2009)