



VIII Congresso Ibérico sobre Recursos Genéticos Animais

Évora (Portugal)

13-15 setembro 2012

# Análisis de la Consanguinidad Mediante la Utilización de Información Genealógica de las Ganaderías de Raza de Lidia Pertencientes a la UCTL

**Javier Cañón**

Julio Fernández

Oscar Cortés

[jcanon@vet.ucm.es](mailto:jcanon@vet.ucm.es)

<http://www.ucm.es/info/genetvet>

# Una característica poco común

(canjeabilidad ecológica y genética)  
(genetic and ecological exchangeability)

Algunas características **ecológicas** (ecosistema mediterráneo),  
**genéticas** (división en subpoblaciones) y **productivas**  
(explotación de caracteres de comportamiento relacionados  
con agresividad).....

.....hacen de esta raza una verdadera **Unidad Evolutiva** con  
dificultad de poder ser substituida por otra (exchangeability) y, gran  
prioridad en programas de conservación

# Principales resultados

- **Subdivisión en encastes (elevada diversidad genética entre encastes)**
- **La mayoría de esta diversidad es consecuencia de diferencias genéticas entre ganaderías**

# Consecuencias

Subdivisión en encastes (la raza de lidia no se comporta como una población con apareamiento aleatorio)

- Tendencia a aumentar las diferencias genéticas entre encastes

- Incremento del parecido entre los individuos de un encaste  $\longrightarrow \uparrow F$

# Consecuencias

Aplicando los criterios de la FAO sobre razas en peligro a los encastes de lidia se obtiene la siguiente tabla de encastes en peligro de extinción en España

Datos de las 5 asociaciones

Datos sólo de la UCTL

	<b>CASTA / ENCASTE / LÍNEA</b>	<b>Número de Ganaderías</b>	<b>Vacas</b>	<b>Sementales</b>	<b>Número de Ganaderías</b>	<b>Vacas</b>	<b>Sementales</b>	<b>Porcentaje de vacas</b>	<b>Porcentaje de sementales</b>
1	Concha y Sierra	1	97	6	1	97	6	100%	100%
2	Saltillo	3	106	8	3	106	8	100%	100%
3	Pablo-Romero	1	116	3	1	116	3	100%	100%
4	Conde de la Corte	3	191	17	3	191	17	100%	100%
5	Pedrajas	3	205	7	3	205	7	100%	100%
6	Miura	1	228	10	1	228	10	100%	100%
7	Urcola	5	316	10	5	316	10	100%	100%
8	Villamarta	10	533	54	8	473	46	89%	85%
9	Hidalgo Barquero	6	653	37	5	612	37	94%	100%
10	Veragua	8	676	28	3	335	14	50%	50%
11	Coquilla	10	707	22	2	21	2	3%	9%
12	Albaserrada	4	708	43	3	684	43	97%	100%
13	Graciliano Pérez-Tabernero	12	723	30	9	623	28	86%	93%
14	Vega-Villar	10	743	38	6	481	28	65%	74%
15	Contreras	22	963	23	4	204	4	21%	17%
16	Osborne	13	968	43	5	304	20	31%	47%
		<b>112</b>	<b>496</b>	<b>24</b>	<b>62</b>	<b>312</b>	<b>18</b>	<b>63%</b>	<b>75%</b>

# Información a elaborar

- Historia filogenética
- Estructura genética
- Diferenciación morfológica y genética

**Información a elaborar**

**Estructura genética**

# Resumen del material genealógico disponible

Nº de ganaderías

369

Nº de siglas

455

Nº de animales

965.747



# Información a elaborar

## Base genética

### Parámetro

Censo efectivo de fundadores

Censo efectivo de ancestros

Nº de ancestros que explican el 50%

Censo efectivo ajustado por cantidad de información

Censo efectivo última generación (>2004)

# Información a elaborar

## Endogamia y consecuencias

### Parámetro

% animales endogámicos

% animales con endogamia > 6,25%

Endogamia media

Endogamia media de animales endogámicos

Endogamia media de animales con endogamia > 6,25

Incremento consanguinidad última generación (>2004)

Incremento esperado en endogamia en 50 años

# Cálculo de los parámetros

**Parámetro**  
**Parámetro**  
**Parámetro**  
**Parámetro**

Censo efectivo última generación  $N_e = 1/2b$   
 Incremento esperado en endogamia en 50 años  $N_e = 1/4\Delta F(1-\Delta F)^{50/t}$   
b es el coeficiente de regresión de la endogamia sobre el número equivalente de generaciones conocidas

$\Delta F = (F_t - F_{t-1}) / (1 - F_{t-1})$  (7,5)  
t es el intervalo medio entre generaciones

## Software utilizado

RePed (Baro et al. 2000)

PEDIG (Boichard, 2002)

SAS

Baro, J.A., Alvarez, R., Carleos, C., García, D., Lamelas, H. 2000. RePed. A tool for checking, exploring and debugging pedigris. ITEA, 96A: 184-188. <http://www.ucm.es/info/genetvet/RePed.rar>

Boichard, D. 2002. PEDIG: A Fortran package for pedigree analysis suited to large populations. In Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Liv. [http://www-sgqa.jouy.inra.fr/article.php3?id\\_article=110](http://www-sgqa.jouy.inra.fr/article.php3?id_article=110)

# Resultados

## Base genética

Parámetro	Total
Censo efectivo de fundadores	468

# Resultados

## Base genética

Parámetro	Total
Censo efectivo de fundadores	468
Censo efectivo de ancestros	275

# Resultados

## Base genética

Parámetro	Total
Censo efectivo de fundadores	468
Censo efectivo de ancestros	275
Nº de ancestros que explican el 50%	228

# Resultados

## Base genética

Parámetro	Total
Censo efectivo de fundadores	468
Censo efectivo de ancestros	275
Nº de ancestros que explican el 50%	228
Censo efectivo ajustado por cantidad de información	36



# Resultados

## Base genética

Parámetro	Total
Censo efectivo de fundadores	468
Censo efectivo de ancestros	275
Nº de ancestros que explican el 50%	228
Censo efectivo ajustado por cantidad de información	36
Censo efectivo última generación (>2004)	32

# Resultados

## Endogamia y consecuencias

Parámetro	Total
% animales endogámicos	73

# Resultados

## Endogamia y consecuencias

Parámetro	Total
% animales endogámicos	73
% animales con endogamia > 6,25%	51

# Resultados

## Endogamia y consecuencias

Parámetro	Total
% animales endogámicos	73
% animales con endogamia > 6,25%	51
Endogamia media	6,9

# Resultados

## Endogamia y consecuencias

Parámetro	Total
% animales endogámicos	73
% animales con endogamia > 6,25%	51
Endogamia media	6,9
Endogamia media de animales endogámicos	9,1

# Resultados

## Endogamia y consecuencias

Parámetro	Total
% animales endogámicos	73
% animales con endogamia > 6,25%	51
Endogamia media	6,9
Endogamia media de animales endogámicos	9,1
Endogamia media de animales con endogamia > 6,25	14,8

% apareamientos entre hermanos o padre-hijo ~6%

# Resultados

## Endogamia y consecuencias

Parámetro	Total
% animales endogámicos	73
% animales con endogamia > 6,25%	51
Endogamia media	6,9
Endogamia media de animales endogámicos	9,1
Endogamia media de animales con endogamia > 6,25	14,8
Incremento consanguinidad última generación (>2004)	1,6

# Resultados

## Endogamia y consecuencias

Parámetro	Total
% animales endogámicos	73
% animales con endogamia > 6,25%	51
Endogamia media	6,9
Endogamia media de animales endogámicos	9,1
Endogamia media de animales con endogamia > 6,25	14,8
Incremento consanguinidad última generación (>2004)	1,6
Incremento esperado en endogamia en 50 años	10

### Simon (1999)

\* <5 ausencia de riesgo; 5-15 riesgo bajo; 16-25 riesgo moderado; 26-40 en peligro; > 40 situación crítica



# Resumen del material genealógico disponible

	Total	ADN
Nº de ganaderías	369	198
Nº de siglas	455	244
Nº de animales	965.747	282.065

# Resultados

## Endogamia e información molecular

Parámetro	Total	ADN
% animales endogámicos	73	76
% animales con endogamia > 6,25%	51	58
Endogamia media	6,9	7,8
Endogamia media de animales endogámicos	9,1	9,7
Endogamia media de animales con endogamia > 6,25	14,8	14,8
Incremento consanguinidad última generación (>2004)	1,6	1,9
Incremento esperado en endogamia en 50 años	10	12

Correlación entre homocigosis y endogamia = **0,16**

# Conclusiones

- **A pesar de su aparente elevado censo real:**
  - Censo efectivo global reducido, por debajo de la sostenibilidad
  - La diversidad reside en los encastes



**Programas de conservación de los encastes en peligro**

# Conclusiones



## Programas de conservación de los encastes en peligro

	<b>CASTA / ENCASTE / LÍNEA</b>	<b>Número de Ganaderías</b>	<b>Vacas</b>	<b>Sementales</b>	<b>C</b>
1	Concha y Sierra	1	97	6	
2	Saltillo	3	106	8	
3	Pablo-Romero	1	116	3	
4	Conde de la Corte	3	191	17	
5	Pedrajas	3	205	7	
6	Miura	1	228	10	
7	Urcola	5	316	10	
8	Villamarta	10	533	54	
9	Hidalgo Barquero	6	653	37	
10	Veragua	8	676	28	
11	Coquilla	10	707	22	
12	Albaserrada	4	708	43	
13	Graciliano Pérez-Tabernero	12	723	30	
14	Vega-Villar	10	743	38	
15	Contreras	22	963	23	
16	Osborne	13	968	43	
		<b>112</b>	<b>496</b>	<b>24</b>	



**Gracias por su atención**

