

CÁLCULO DEL TAMAÑO EFECTIVO A PARTIR DE VARIANZAS FAMILIARES: EJEMPLOS EN LA OVEJA XALDA Y PONI ASTURCÓN

Juan Pablo Gutiérrez¹, Iván Fernández², Isabel Álvarez², Luis José Royo², Lucía Pérez-Pardal² y Félix Goyache^{2*}

¹Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Avda. Puerta de Hierro s/n, 28040-Madrid; ²SERIDA-Somió, C/ Camino de los Claveles 604, 33203 Gijón (Asturias); *e-mail: fgoyache@serida.org

INTRODUCCIÓN

El tamaño efectivo de una población (N_e) es un parámetro clave en conservación y genética de poblaciones por su relación con la inversa de los incrementos de consanguinidad, las pérdidas de variabilidad genética debidas a deriva genética y sus posibilidades de adaptación a cambios ambientales (FALCONER y MCKAY, 1996). Cuando se dispone de información genealógica profunda el parámetro N_e puede estimarse mediante el incremento de consanguinidad entre dos generaciones

consecutivas (ΔF) en la forma $N_e = \frac{1}{2\Delta F}$. Sin embargo, en pequeñas poblaciones con poca profundidad de pedigrí esta fórmula no produce estimas ajustadas a la realidad. En consecuencia, deben intentarse otras aproximaciones que tengan en cuenta el número de reproductores existentes y las varianzas familiares. El programa ENDOG (GUTIÉRREZ y GOYACHE, 2005; disponible en la dirección Web <http://www.ucm.es/info/prodanim/Endog4En.zip>) está diseñado para la monitorización de poblaciones ganaderas mediante información genealógica. En una nueva versión (v4.0) el programa ENDOG ha incorporado el cálculo de N_e mediante varianzas familiares. El objetivo de esta nota es proporcionar ejemplos del funcionamiento de esta nueva función del programa ENDOG utilizando pedigríes analizados con anterioridad de la oveja Xalda de Asturias (ÁLVAREZ et al., 2007) y Poni de raza Asturcón (ROYO et al., 2007).

MATERIAL Y MÉTODOS

El programa ENDOG v4.0 calcula N_e a partir de varianzas familiares como

$$N_e = \frac{8N_C}{V_{km} + V_{kf} + 4} L$$
, donde N_C es el número de reproductores (machos y hembras) en una población de referencia, V_{km} y V_{kh} las varianzas de las familias de reproductores machos y hembras, respectivamente, y L el intervalo generacional en unidades del intervalo temporal especificado. Estrictamente, el cálculo de N_e mediante esta metodología debería tener en cuenta el número total de animales reproductores en una generación (FALCONER y MCKAY, 1996) que se desconoce en una situación de solapamiento generacional; es por ello que este número se aproxima como $N_C \cdot L$. Además, ENDOG v4.0 incluye la posibilidad de calcular N_e en periodos aproximados al número de años del correspondiente intervalo generacional para posibilitar la detección de periodos en que se hayan producido cambios en la política de selección y apareamientos de una población. Cuando el análisis se realiza en una población de referencia ENDOG asume que esa población corresponde a una generación. Si no es así, el usuario debe transformar el valor de N_e obtenido mediante un factor (L/y) donde L es el intervalo generacional en años e y el número

de años incluidos en el periodo analizado. Como ejemplo del funcionamiento de esta nueva función incorporada en ENDOG se han analizado las genealogías de 1181 animales de poni de raza Asturcón (839 vivos) y 1851 animales de la raza ovina Xalda (1491 vivos) incluidos en los Libros Genealógico de ACPRA y ACOXA desde su fundación y previamente analizados (ROYO et al., 2007; ÁLVAREZ et al., 2007).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los intervalos generacionales medios (\pm error estándar) calculados para el poni Asturcón y la oveja Xalda fueron de $7,7 \pm 0,15$ y $2,98 \pm 0,06$ años, respectivamente. Asimismo, el periodo analizado fue de 35 y 18 años (28 y 16 para los animales vivos), respectivamente. La Tabla 1 muestra el número de reproductores (machos y hembras) y sus tamaños familiares medios. Nótese que estos resultados pueden estar infraestimados debido a que en los primeros años de funcionamiento de los Libros Genealógicos el registro de reproductores no era exhaustivo. El poni Asturcón presenta valores de N_e de 10,5 para todos los animales del pedigrí y de 12,2 para los animales vivos. En la oveja Xalda el valor de N_e en los animales vivos (4,4) es menor que el obtenido para todo el pedigrí (7,3). En todo caso, los tamaños familiares medios para machos y hembras reproductores son prácticamente iguales en el pedigrí completo y en los animales vivos en ambas poblaciones.

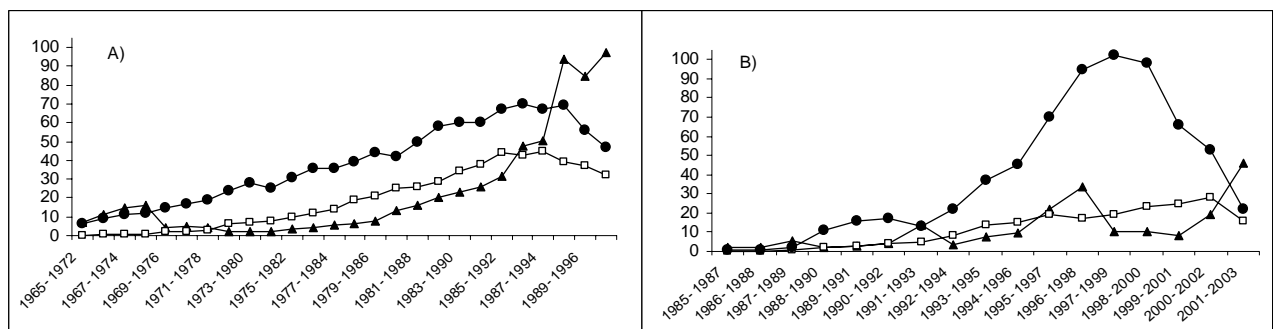
Tabla 1: Número de individuos, progenie media y tamaño efectivo (N_e) calculados en las poblaciones de Poni Asturcón y oveja Xalda para el total de los pedigrís disponibles y para las poblaciones vivas en el momento de recogida de datos.

	Machos reproductores		Hembras reproductoras		N_e
	Número	Progenie media	Número	Progenie media	
Poni Asturcón					
Pedigrí completo	70	4,6	141	2,3	10,5
Animales vivos	48	4,1	95	2,3	12,2
Oveja Xalda					
Pedigrí completo	69	6,2	229	1,6	7,3
Animales vivos	39	6,0	160	1,6	4,4

La Figura 1 muestra la variación del parámetro N_e en las dos bases de datos analizadas por periodos de tiempo que comprenden el intervalo generacional medio correspondiente. El valor de N_e en el poni Asturcón tiende a aumentar desde 1980 hasta llegar a 97,3 en el período que comprende los animales nacidos entre 1990 y 1997 debido fundamentalmente al paulatino aumento del número de machos y hembras dedicadas a reproducción situándose en valores iguales o superiores a 40 sementales y de cerca de 70 desde el periodo 1985-1992 hasta el periodo 1988-1995. Los valores de N_e obtenidos en la oveja Xalda son más erráticos a pesar del aumento lento pero sostenido de carneros puestos a la reproducción desde 1992, y no están ligados totalmente al gran incremento de ovejas dedicadas a la reproducción que se observa especialmente entre las nacidas desde el año 1996 y hasta el periodo 1998-2000 con valores superiores 95. Esto se debe al nacimiento en los años 1998, 1999 y 2000 de tres carneros (0329, 0464 y 0569) cuya progenie es de 79, 134 y 74 individuos inscritos en el Libro Genealógico de ACOXA lo que muestra un gran desequilibrio hacia estos individuos entre los animales dedicados a la reproducción en la población presente de la raza. De la detección de este

desequilibrio en la utilización de reproductores deberían establecerse recomendaciones para la optimización de la política de selección y apareamientos realizada en la raza Xalda. La nueva función incorporada en la versión 4.0 del programa ENDOG permite obtener información adicional de utilidad para la monitorización de los Libros Genealógicos en pequeñas poblaciones ganaderas. Otras mejoras incluidas en la nueva versión de ENDOG que pueden ser de utilidad para los usuarios son: información proveída por defecto sobre el número de hijos de cada reproductor, la reordenación y reenumeración por defecto de los animales en el pedigrí analizado e información sobre el grado de acabado de las genealogías. Además, ENDOG puede calcular la mayor parte de los parámetros no sólo para la población completa sino para las subpoblaciones identificadas. Finalmente, la nueva versión de ENDOG permite calcular los coeficiente individuales de consanguinidad para diferente números de generaciones, lo que permite al usuario diferenciar entre consanguinidad de origen reciente o no.

Figura 1: Variación del número de machos (cuadrados blancos) y hembras (círculos negros) reproductoras y tamaño efectivo (triángulos negros) de las poblaciones de Poni Asturcón (A) y oveja Xalda (B) por periodos de años de nacimiento de los reproductores equivalentes a un intervalo generacional medio en cada población.



Este trabajo ha sido financiado por el INIA mediante los proyectos RZ03-011 y RZ2004-00007-C02. Los autores agradecen a las asociaciones de criadores de Poni Asturcón (ACPRa; <http://www.asturcones.com/>) y oveja Xalda de Asturias (ACOXa; <http://www.xalda.com/>) el apoyo prestado para su realización.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ÁLVAREZ, I., ROYO, L.J., GUTIÉRREZ, J.P., FERNÁNDEZ, I., ARRANZ, J.J., GOYACHE, F., 2007. Genetic diversity loss due to selection for scrapie resistance in the rare Spanish Xalda sheep breed. *Livest. Sci.*, doi:10.1016/j.livsci.2007.01.147.

FALCONER, D.S., MCKAY, T.F.C., 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*, Longman, Harlow.

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

ROYO, L.J., ÁLVAREZ, I., GUTIÉRREZ, J.P., FERNÁNDEZ, I., GOYACHE, F., 2007. Genetic variability in the endangered Asturcón pony assessed using genealogical and molecular information. *Livest. Sci.*, doi:10.1016/j.livsci.2006.09.010