

VARIACIÓN DEL TAMAÑO EFECTIVO DE LA POBLACIÓN DE OVEJA DE RAZA XALDA DE ASTURIAS

J. Antonio Álvarez Sevilla

ACOXIA
Oviedo/Uviéu



INTRODUCCIÓN

La oveja Xalda presenta un importante valor de adaptación al medio y su importancia histórica y cultural en el ámbito del Principado de Asturias ha sido claramente establecida (Álvarez Sevilla, 1999, 2001, 2004). Como resultado del aumento del sentimiento conservacionista en las últimas décadas del siglo XX, en 1992 se creó la Asociación de Criadores de Oveja Xalda de Asturias (ACOXÁ). La oveja Xalda se incluyó 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. El Libro Genealógico gestionado por ACOXA fue reconocido oficialmente por la administración del Principado de Asturias en 1998.

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 $N_e = 1/2\Delta F$. 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 (Hill, 1979) o la regresión de los coeficientes individuales de consanguinidad sobre la profundidad de las genealogías (Gutiérrez et al., 2003).

El Libro Genealógico de la Oveja de raza Xalda de Asturias comenzó su funcionamiento oficial en 1992 con la constitución de ACOXA. En él se incluyeron las genealogías recogidas por los promotores de ACOXA en los años previos a su fundación. En este momento ACOXA ya dispone de una información mínima suficiente incluida en el Libro Genealógico de la raza ovina Xalda de Asturias para valorar la el tamaño efectivos de la población.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha analizado la información incluida en el Libro Genealógico de la raza Xalda desde su fundación hasta el 1 de octubre de 2007. El total de los animales registrados en el libro genealógico de la raza Xalda fue de 2.847 (322 machos) de los que 1.130 (92 machos) habían nacido en los últimos tres años de registro del Libro Genealógico de ACOXA. El análisis de los registros del Libro Genealógico se ha realizado utilizando los programas SAS/STAT® (1999) y el programa ENDOG v4.2 (Gutiérrez y Goyache, 2005) mediante el cálculo de los siguientes parámetros:

- Número generaciones conocidas, considerando una generación nueva cuando se conocen los dos padres del individuo.
- Número efectivo de generaciones, calculado como la suma de $(1/2)^n$, siendo n el número de generaciones que separan el animal de su ascendiente conocido. Los individuos sin ascendientes conocidos se han asignado a la generación 0.
- El tamaño efectivo (N_e) de la población definido como el tamaño de una población que daría el incremento de endogamia de la población estudiada en condiciones ideales de apareamiento al azar y ausencia de migración, selección o deriva. N_e se ha determinado de las siguientes formas:

a) A partir de la información de parentesco se ha calculado el coeficiente de endogamia (F), definido como la probabilidad de que un individuo posea dos genes idénticos por descendencia, y el incremento de endogamia por generaciones conocidas (ΔF), mediante la expresión

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

en que F_t es la endogamia en una generación t y F_{t-1} es la endogamia en la generación anterior. En este caso, el tamaño efectivo de la población se calculó simplemente como (Falconer y McKay, 1996)

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

b) Ne se estimó a partir de las varianzas en tamaños familiares como

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{16ML} \left[2 + \sigma_{mm}^2 + 2 \left(\frac{M}{F} \right) \text{cov}(mm, mf) + \left(\frac{M}{F} \right)^2 \sigma_{mf}^2 \right] + \frac{1}{16FL} \left[2 + \left(\frac{F}{M} \right)^2 \sigma_{fm}^2 + 2 \left(\frac{F}{M} \right) \text{cov}(fm, ff) + \sigma_{ff}^2 \right] \quad (\text{Hill, 1979})$$

donde M y F son el número de machos y hembras reproductores nacidos en un periodo de tiempo, L el intervalo generacional medio, σ_{mm}^2 y σ_{mf}^2 las varianzas de hijos machos y hembras de un carnero, σ_{fm}^2 y σ_{ff}^2 las varianzas de hijos machos y hembras de una oveja y $\text{cov}(mm, mf)$ y $\text{cov}(fm, ff)$ las respectivas covarianzas. Nótese que el tamaño familiar de un padre (macho o hembra) es el número de hijos que se convierten, a su vez en reproductores.

c) Ne también se estimó a partir de la aproximación propuesta por Gutiérrez et al. (2003), calculando ΔF a partir del coeficiente de regresión de los coeficientes individuales de consanguinidad sobre el

número efectivo de generaciones como $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}} \approx \frac{b}{1 - (F_t - b)}$ siendo F_t la F media de la población de referencia.

d) Por último, González Recio et al. (2007) han propuesto la utilización de la media los incrementos individuales de consanguinidad ΔF_i para el

cálculo de Ne. ΔF_i se calcula como $\Delta F_i = 1 - \sqrt[t]{1 - F_i}$ donde F_i es el coeficiente individual de consanguinidad y t número efectivo de generaciones. La media de Ne para una población de referencia se

calcularía simplemente como $\overline{N_e} = \frac{1}{2\Delta F}$, donde la media de ΔF se calcularía sobre los valores de ΔF_i de los individuos que conforma la población de referencia.

Las aproximaciones a) y b) se calcularon sobre el total de pedigrí mientras que las aproximaciones c) y d) se calcularon considerando como población de referencia los animales nacidos en los últimos tres años. Este último grupo de

animales se aproxima a la última generación en la raza Xalda, ya que el intervalo generacional medio en la raza es de, aproximadamente, 3 años (Goyache et al., 2003). Asimismo, para homogeneizar los resultados de la aproximación sobre varianzas de tamaños familiares los datos obtenidos se reflejarán en períodos de 3 años.



RESULTADOS

La Tabla 1 proporciona una idea de la variación de la consanguinidad y el tamaño efectivo de la población según la profundidad del pedigrí de los animales. Nótese que la variación apuntada solo es una aproximación ya que las generaciones a las que se ha asignado cada animal no son discretas y puede haber diferencias reales de profundidad de pedigrí entre las diferentes cohortes de animales, correspondientes a cada generación. Esto hace que la población base esté sobre-representada, ya que incluye los animales realmente fundadores (animales con los dos padres desconocidos) y los medio-fundadores (aquellos de los que se conoce sólo un ascendiente). En todo caso,

esta aproximación nos permite detectar incrementos bruscos de F (por ejemplo entre la segunda y la tercera generación que podrían resultar en la presencia muy frecuente en esa generación de unos pocos reproductores (en general machos) muy relacionados entre sí por vínculos familiares y detectar, por tanto el uso más frecuente de determinados animales o líneas.

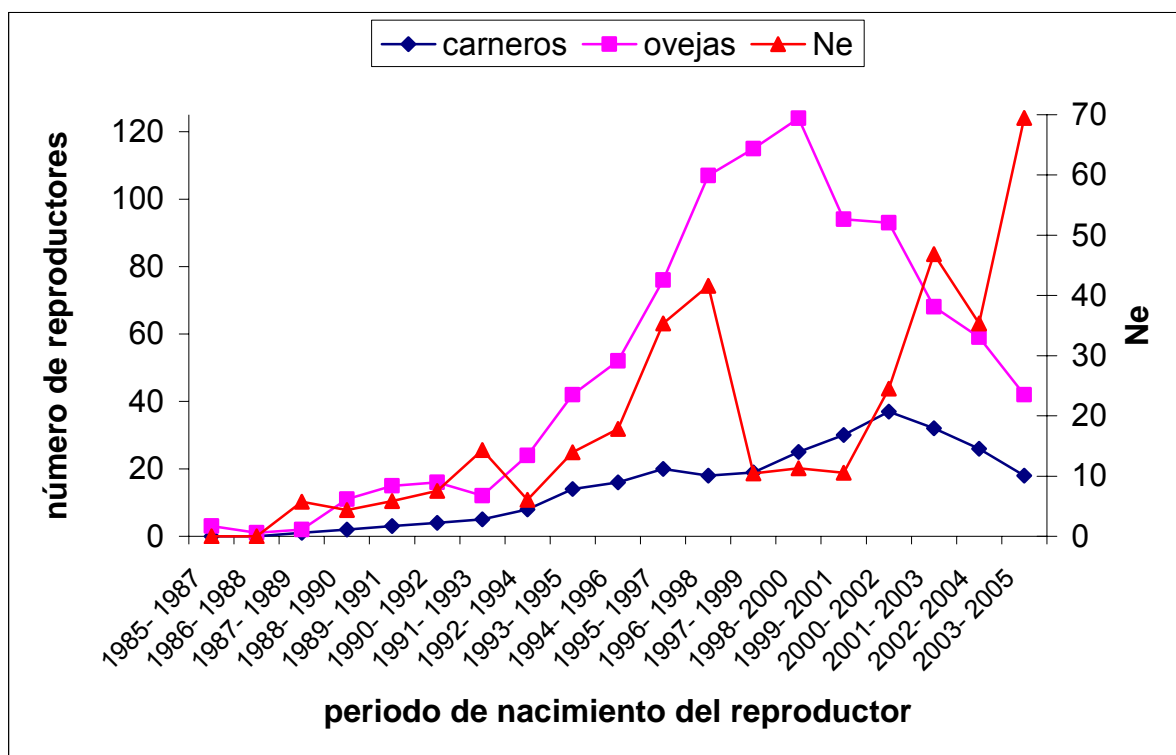
En la Figura 1 puede observarse la variación del tamaño efectivo de la raza Xalda por periodos equivalentes a un intervalo generacional medio de la raza. El Ne en la raza Xalda alcanza un primer máximo de 41,6 en el período 1996-1998 para caer desde 1999 a 2002 a valores de alrededor de 11. El valor de Ne llega a 41,6 en 2001-2003 para caer a valores de 35,3 el siguiente periodo. Nótese que los altos valores de Ne del período 2003-2005 se deben exclusivamente al escaso número de hijos reproductores todavía obtenidos por los sementales nacidos esos años, que se encuentran al inicio de su carrera reproductiva.

Los tamaños efectivos calculados mediante coeficientes de regresión e incrementos medios de consanguinidad individual presentaron valores, respectivamente, de 13,7 y 41,2.

Tabla 1: Número de animales (N), consanguinidad media (en porcentaje) y tamaño efectivo (Ne) por generaciones completas en la raza Xalda.

| Generación | N | F | Ne |
|------------|------|-------|------|
| Base | 1372 | 0,0% | |
| 1 | 802 | 3,3% | 14,9 |
| 2 | 516 | 7,0% | 13,3 |
| 3 | 157 | 12,1% | 8,9 |

Figura 1: Variación del número de carneros, hembras reproductoras y tamaño efectivo de la población de oveja Xalda por periodos de años de nacimiento de los reproductores equivalentes a un intervalo generacional medio de la raza.



DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

La aproximación clásica de cálculos de tamaños efectivos mediante incrementos de consanguinidad entre dos generaciones sucesivas no se adapta correctamente a poblaciones ganaderas (Goyache et al., 2003) ya que no se cuenta con generaciones discretas sino que en cada momento se pueden encontrar en una cohorte dada animales de diferentes profundidades de pedigrí con aparición de generaciones solapadas. En todo caso, los N_e calculados para las distintas generaciones de raza Xalda son realmente bajos (entre 8,9 y 14,9) lo que habla de una utilización preferente de animales emparentados. Esto no parece deberse a que en la raza se recojan, preferentemente, pedigríes en un número limitado de ganaderías que usen preferentemente ciertas líneas familiares ya que la calidad de la información contenida en el Libro Genealógico de la raza Xalda supera los rangos que se consideran normales en ganado ovino (Alfonso et al., 2006). La utilización

masiva de ciertos animales puede deberse al interés de los ganaderos en seleccionar por características raciales (Goyache et al., 2003).

La variación temporal del Ne en la raza Xalda considerando las varianzas de tamaños familiares de machos y hembras informa sobre las variaciones en el número y utilización de reproductores en una raza. Sin embargo, hay que destacar que sus resultados no suelen ser muy ajustados a la realidad al considerar como única causa de variación en el tamaño efectivo los tamaños efectivos el desequilibrio del éxito reproductivo entre animales. Naturalmente esto se ve afectada por el número de animales de ambos sexos disponible para reproducción en un momento dado, aunque no se tenga en cuenta si esos animales están emparentados. La varianza en el tamaño familiar de las ovejas de raza Xalda ha sido fundamentalmente el mismo durante todos los periodos analizados (con media alrededor de 2) por lo que la influencia de las hembras sobre el Ne calculado de esta forma depende fundamentalmente de su número. Así, el Ne alcanzado en el período 1996-1998 resulta del aumento del número de hembras incluidas en el Libro Genealógico como consecuencia del esfuerzo de recuperación de ejemplares realizado por los socios de ACOXA en ese periodo. Sin embargo el Ne baja rápidamente por la necesidad de utilizar masivamente unos pocos sementales sobre las nuevas hembras con lo que la media del tamaño familiar de los carneros nacidos en esos periodos se dispara hasta valores entre 10 y 11. Sólo cuando el número de machos puestos a reproducción se incrementa el Ne también aumenta. Sirva como ejemplo el hecho de que los dos reproductores que más progenie han incluido en el Libro Genealógico, los carneros 0450 y 0623 con 138 y 101 hijos, respectivamente, nacieron en 1999 y 1998.

Los resultados de Ne de los métodos de regresión e incrementos individuales de consanguinidad presentan diferencias sustanciales, siendo el calculado por el primer método, aproximadamente, un tercio del valor del calculado por el segundo método. El método de regresión se basa en la asunción de que la población de referencia es la última generación disponible. Sin embargo, esta asunción no es muy razonable en poblaciones ganaderas no experimentales y el método puede no detectar diferencias sustanciales con la

consanguinidad media de la población de referencia. El método de incrementos individuales de consanguinidad tiene la ventaja de ajustar por la profundidad de pedigrí de cada animal, lo que permite diferenciar dos animales con el mismo nivel de consanguinidad pero que hayan llegado a él en pocas generaciones (por cruces entre parientes cercanos) o por ostentar un pedigrí profundo y denso. Esto permite tener una mayor confianza en la estima obtenida por este método. En todo caso, este valor (41.2) está por debajo del nivel de 50 que la FAO ha establecido para declarar una raza ganadera en riesgo (Duchev et al., 2006).

Todo proceso de cría en pureza conlleva selección y una posible disminución de variabilidad genética. Sin el permanente apoyo de ACOXA a los criadores que se integran en ella el proceso selectivo que vive la raza Xalda se realizaría sin la adecuada planificación afectando a los planes de conservación instrumentados por las administraciones públicas. Es por ello necesario continuar esforzándose en el control genealógico de la raza y de las consecuencias que puedan derivarse de los procesos de selección por características raciales para la raza Xalda.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo no hubiera podido desarrollarse sin el total apoyo de los socios de ACOXA. Gracias al Área de Genética y Reproducción Animal del SERIDA por su apoyo en el análisis del Libro Genealógico.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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.

Álvarez Sevilla J.A. 1999. Protohistoria y ganadería. En El Ganado vacuno del Tronco Castaño, pp.11-18, Imprenta Narcea S.L., Granda-Siero (Asturias).

- Álvarez Sevilla, A.** 2001. Les races autóctones del Principáu d'Asturies, pp.11-18, Fundación Belenos, 33007 Uviéu/Oviedo (Principau d'Asturies).
- Álvarez Sevilla A., Gutiérrez J.P., Fernández I., Royo L.J., Álvarez I., Gómez E., Goyache F.,** 2004. Conservación de la oveja Xalda de Asturias. *AGRI*, 34: 41-49.
- Duchev Z., Distl O., Groeneveld E.** 2006. Early warning system for loss of diversity in European livestock breeds. *Archiv. Anim. Breed.*, 49: 521-531.
- Falconer, D.S., McKay, T.F.C.,** 1996. Introduction to Quantitative Genetics, Longman, Harlow
- Goyache, F., Gutiérrez, J.P., Fernández, I., Gómez, E., Álvarez, I. Díez, J., Royo, L.J.** 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, J.P., Goyache, F.,** 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122: 172-176.
- Gutiérrez, J.P., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Cañón, J., Piedrafita, J.,** 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* 35, 43-64.
- Hill W.G.,** 1979. A note on effective population size with overlapping generations. *Genetics*, 92, 317-322.

