

## ESTRUCTURA GENÉTICA DE LA RAZA TUDANCA INFERIDA DE INFORMACIÓN GENEALÓGICA

### GENETIC STRUCTURE OF THE TUDANCA BOVINE BREED INFERRED FROM THE GENEALOGICAL INFORMATION

Saíenz, R.<sup>1</sup>, García, J.A.<sup>2</sup>, Argüello, S. de<sup>2</sup>, Barquín, F.<sup>2</sup>, Crespo, M.J.<sup>2</sup>, Chomón, N.<sup>2</sup>, Calderón, L.A.<sup>2</sup> y Cañón, J.<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>Asociación Nacional Criadores Vacuno Raza Tudanca. Santander. España.

<sup>2</sup>Consejería de Desarrollo Rural, Ganadería, Pesca y Biodiversidad. Santander. España.

<sup>3</sup>Departamento de Producción Animal. Universidad Complutense. Madrid. España. \*jcanon@vet.ucm.es

#### PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Bovino de carne. Genealogías.

#### ADDITIONAL KEYWORDS

Beef cattle. Pedigree.

#### RESUMEN

La información genealógica de la raza Tudanca disponible contiene animales nacidos entre 1966 y 2010 en 455 explotaciones. La caracterización del nivel de completitud de dicha información mostró un número medio de 2 generaciones completas equivalentes. Se calcularon los coeficientes de endogamia y de parentesco de cada individuo representado en el fichero de pedigrí, así como el número efectivo de fundadores, el de ancestros y el de genomas fundadores. Se calculó el censo efectivo de la población mediante la regresión de la endogamia sobre la cantidad de información genealógica, y también el de la última generación. A partir de estos parámetros se obtuvo la evolución de la pérdida de diversidad a medio plazo (50 años). Entre los animales con endogamia no nula el porcentaje de los que tienen valores elevados (>6,25) es muy elevado (87%), debido en gran medida al gran porcentaje de apareamientos entre animales muy emparentados (hermanos, padre-hijo). Los censos efectivos de genomas fundadores (72) y de ancestros (88) reflejan la base genética de la que proviene la población actual, mientras que la pérdida de variabilidad genética a medio plazo deducida del censo efectivo (18-29) muestra riesgo bajo o moderado.

#### SUMMARY

The pedigree file of the Tudanca local bovine

Presentado al Congreso SERGA (2010, Asturias).

breed recovers information of animals born from 1966 to 2010 in 455 herds. The pedigree completeness level is characterised by a low number of equivalent complete generations (~2). Individual inbreeding and relatedness coefficients, and effective number of founders, ancestors and founder genomes, were computed. Average effective population size was estimated based on the regression of the inbreeding on genealogical amount of information, and effective population size for the last generation were also calculated. Using this information, medium-term inbreeding rate evolution (50 years) was predicted. A high percentage of animals (87%) with a high level of inbreeding (>6,25) was found. The effective number of founder genomes (72) and the effective number of ancestors (88) reflect the genetic base of the current population, while the medium-term loss of genetic variability predicted from the effective population size (18-29) showed a breed under a low to moderate level of genetic risk.

#### INTRODUCCIÓN

El Catálogo Oficial de Razas de Ganado de España incluye a la raza Tudanca entre aquellas que se encuentran en grave regresión o en trance de desaparición, de acuerdo con los criterios establecidos a los efectos por la UE.

Según el criterio del reglamento (CE) N°

1974/2006 de la comisión, la raza Tudanca se considera una población en riesgo ya que el número de hembras reproductoras es inferior a 7500. Y siguiendo los criterios de clasificación de las razas autóctonas españolas de protección especial propuesto por FEDERAPES ([www.federapes.com](http://www.federapes.com)), esta raza estaría clasificada en la clase B (la de menor riesgo) dentro de la categoría de riesgo moderado.

La ausencia de una información genealógica adecuada no permitió incluir los resultados de esta raza en el trabajo publicado en 2003 (Gutiérrez *et al.*, 2003). Durante el año 2009 se finalizó la informatización de la información genealógica disponible, lo que ha permitido llevar a cabo este trabajo que tiene como objetivo analizar la información genealógica para conocer el flujo de genes, la estructura de la población y el riesgo potencial de pérdida de diversidad genética.

## MATERIAL Y MÉTODOS

El fichero de genealogías constaba de 27 057 registros de animales nacidos entre 1966 y 2010 en 455 explotaciones. Para caracterizar el nivel de profundidad del pedigrí se utilizaron dos parámetros: el porcentaje de ancestros conocidos por generación y el número equivalente de generaciones completas trazadas que se calculó como la suma para todos los ancestros conocidos de cada animal del término  $(1/2t)$ , siendo  $t$  el número de la generación del ancestro de que se trate, y que tendrá un valor de uno para los padres, dos para los abuelos, etc. Se calculó el intervalo generacional para las cuatro vías de transmisión genética como la edad media de los padres cuando se seleccionaba a los descendientes para ser utilizados como reproductores.

Se calcularon los coeficientes de endogamia y de parentesco de cada individuo representado en el fichero de pedigrí, así como el número efectivo de fundadores (Lacy, 1989), el de ancestros y el de genomas fundadores (Boichard *et al.*, 1997). Algu-

nos de estos cálculos se realizaron para el conjunto de la población, y otros para una población de referencia que se consideró la de todos aquellos animales nacidos después del año 2006.

Para el cálculo de estos parámetros se utilizó el programa PEDIG (Boichard 2002, <http://www-sgqa.jouy.inra.fr/sgqa/diffusions.htm>).

Una forma de obtener una estimación del tamaño efectivo actual es a partir de la expresión del incremento en endogamia en la última generación:

$$\Delta F = \frac{(F_t - F_{t-1})}{(1 - F_{t-1})} \quad [1]$$

$F_t$  se calculó como la endogamia media de los animales nacidos durante 2007 y 2010, y  $F_{t-1}$  mediante la expresión  $F_t - bl$ , siendo  $b$  el coeficiente de regresión de la endogamia sobre el año de nacimiento del animal y  $l$  el intervalo medio de generación. A partir de la expresión [1] el tamaño efectivo se calculó como  $1/2 \Delta F$ .

A partir de este cálculo podemos tener una idea de cual será el valor de la endogamia transcurridos 50 años (Simon, 1999), en el supuesto de apareamiento aleatorio. Para ello podemos aplicar la expresión:

**Tabla I.** Nivel de completitud del pedigrí en las razas Tudanca y Asturiana de la Montaña expresado como proporción de ancestros conocidos. (Pedigree completeness for the Tudanca and Asturiana de la Montaña breeds).

Población Generación	Tudanca		AM
	Toda	Referencia	Referencia
1 <sup>1</sup>	0,786	1,000	0,992
2	0,576	0,934	0,916
3	0,364	0,738	0,803
4	0,192	0,471	0,641
5	0,081	0,240	0,421
6	0,024	0,084	0,217

AM: Asturiana de la Montaña; <sup>1</sup>padres.

## ESTRUCTURA GENÉTICA DE LA RAZA TUDANCA

**Tabla II.** Promedios de intervalos generacionales, en años, para toda la población y para la población de referencia (animales nacidos después de 2006). (Average generation intervals (years) for the whole and the reference populations (animals born after 2006)).

Población	Toda		Referencia	
	nº	años	nº	años
Transmisión				
Padre-hijo	877	5,3	51	4,9
Padre-hija	6789	4,8	55	4,7
Madre-hijo	954	7,1	51	7,7
Madre-hija	7632	7,0	55	7,0
Media ponderada	-	6,0	-	6,1

$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^t$ , siendo  $t$  el número de generaciones que transcurren en los 50 años.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El promedio del número máximo de generaciones conocidas fue inferior a 4 (3,4), y el promedio del número equivalente de generaciones fue 2,03. Los valores de completitud del pedigrí para la población de referencia son parecidos a los que se obtuvieron en la raza Asturiana de la Montaña (Baro *et al.*, 2007) en el caso de las tres primeras generaciones, y significativamente más reducidos a partir de la cuarta generación (tabla I).

Los intervalos entre generaciones (tabla II) corresponden con los de una raza autóctona de aptitud carnífera. En esta raza

la evaluación genética de los machos se basa en información recogida en el propio candidato, por lo que los intervalos entre generaciones son más reducidos.

En la tabla III aparecen los valores de los principales parámetros de endogamia y parentesco, y conviene resaltar varios resultados. La elevada consanguinidad de los animales endogámicos (16%), y el elevado porcentaje (87%) de animales con endogamia superior al 6,25% que es la consanguinidad que generaría el apareamiento entre primos. En este resultado ejerce una gran influencia los elevados porcentajes (16%) de apareamientos entre parientes próximos (hermanos, padre-hijo). El censo efectivo es muy sensible al volumen de información genealógica disponible, por lo que su cálculo mediante el recíproco del doble de la regresión del coeficiente de endogamia sobre la información genealógica de cada animal ajusta para ese factor, y en el caso de la Tudanca proporcionó un valor de 18,4. Por otro lado, el censo efectivo de la última generación (29) es también claramente inferior al recomendado por la FAO para mantener la diversidad genética a largo plazo, y a medio plazo (próximos 50 años) con la actual estructura, y en el supuesto favorable de apareamiento aleatorio, el incremento esperado en endogamia estará entre el 20,6 y el 13,5%, lo que indica, de acuerdo con el criterio más importante de censo efectivo de la EAAP (1998), un riesgo o amenaza entre

**Tabla III.** Valores de los principales parámetros de endogamia y parentesco medio. (Inbreeding and average relatedness values).

Endogamia (%) en el conjunto de la genealogía	4,9
Porcentaje de animales endogámicos	31,5
Endogamia (%) de los animales endogámicos	16
Porcentaje de animales con $F > 6,25$ respecto a los animales endogámicos	87
Censo efectivo teniendo en cuenta la información genealógica individual	18,4
Censo efectivo de la última generación	29
Incremento en endogamia (%) en la última generación	1,7
Incremento en endogamia (%) durante los próximos 50 años	20,6-13,5
Media del parentesco medio (%)	0,5

**Tabla IV.** Análisis de las probabilidades del origen de los genes en la población de referencia (animales nacidos después de 2006). (Parameters of gene origin for the reference population (animals born after 2006)).

Tamaño de la población analizada	27057
Censo efectivo de fundadores <sup>1</sup>	223
Censo efectivo de ancestros <sup>1</sup>	128
Número de ancestros que contribuyen con el 50 % de los genes <sup>1</sup>	88
Censo efectivo genomas fundadores <sup>1</sup>	72
Relación ancestros efectivos/fundadores efectivos	0,57

<sup>1</sup>Valores calculados sobre la población de referencia, animales nacidos después de 2006.

moderado y bajo. Hay otros criterios adicionales propuestos por la EAAP (1998) para ajustar la categoría de riesgo entre dos adyacentes, como la proporción de registros en el libro genealógico, el cambio en el número de reproductores, el porcentaje de animales de pura raza y de inmigración y el número de rebaños.

Los resultados sobre el análisis de la base genética de la raza se presentan en la **tabla IV**. El censo efectivo tanto de fundadores, como de ancestros se refiere a la población de referencia (animales nacidos después de 2006) y presentan valores elevados, indicando una escasa concentración en la utilización de reproductores, incluso la relación entre ancestros efectivos y fundadores efectivos no es muy desfavorable, aunque hay que tener en cuenta que

la información de pedigrí no es excesivamente completa.

La situación de la raza Tudanca, deducida del análisis de la información genealógica que la asociación dispone, muestra elementos favorables, como son los que hacen referencia a una amplia base genética de la población, y otros menos favorables, como son los que se derivan de la pérdida de variabilidad genética como consecuencia del censo efectivo actual, o el elevado porcentaje de animales con consanguinidades muy elevadas. Los elementos favorables deben ser, de todas formas, acogidos con cierta reserva al ser todavía reducido el nivel de completitud del pedigrí. Se propone evitar apareamientos entre animales que compartan algún abuelo, y una utilización limitada de la inseminación artificial.

## BIBLIOGRAFÍA

- Baro, J.A., Cañón, J. y Carleos, C. 2007. Consanguinidad y progreso genético en la raza Asturiana de la Montaña. *Archiv. Zootec.*, 56: 593-598.
- Boichard, D., Maignel, L. and Verrier, E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, 29: 5-23.
- Boichard, D. 2002. PEDIG: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. In: Proceedings of the 7<sup>th</sup> World Congress of Genetics Applied to Livestock Production. Montpellier (France), 19-23 August 2002. CD-Rom, comm. nº 28-13.
- EAAP. 1998. Assessment of the degree of endargement of livestock breeds. Working group on Animal Genetic Resources. 49<sup>th</sup> Annual Meeting European Association of Animal Production. Warsaw.
- FAO. 1998. Secondary guidelines: Management of small populations at risk.
- Gutiérrez, J.P., Altarriba, J., Diaz, C., Quintanilla, R., Cañón, J. and Piedrafita, J. 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 35: 43-63.
- Lacy, R.C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalence. *Zoo Biology*, 8: 111-124.