

# GESTIÓN DE LA CONSANGUINIDAD EN LA RAZA BOVINA PALMERA

## INBREEDING MANAGEMENT OF THE PALMERA CATTLE BREED

Benavente M.F.<sup>1\*</sup>, Santana R.<sup>2</sup>, Delgado J.V.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Genética. Universidad de Córdoba, Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario. \*mfbeces@gmail.com.

<sup>2</sup>Asociación de criadores de raza bovina Palmera. (AVAPAL) El Paso, La Palma. España.

---

**Keywords:** Local breeds; Biodiversity; Pedigree; Inbreeding.

**Palabras clave:** Razas autóctonas; Biodiversidad; Pedigrí; Coascendencia.

---

### ABSTRACT

The main goal for the local bovine Breed "Palmera" is to minimize inbreeding and maximize diversity. From the perspective of inbreeding, only 156 effective specimens belong to this animal breed. To plan the mating between the animals, breeders used a software application developed by the authors. This application calculates the individual consanguinity ratio (F), the pedigree grade of each animal (P) and a matrix of relationship which is useful for evaluating potential matings. Those calculations are based on the pedigree of the breed, which can also be managed by the application. As a result, the average of the individual inbreeding coefficient of 348 animals born between the 1st. of January 2014 and the 1st. of May 2017 was 0.0128 - with a standard deviation of 0.0365. The software calculates the genetic diversity in an indirect way. That means that by adding the animals own level of inbreeding with its parent's and grandparent's the result should be exactly 0 in cases where none of the predecessors occurs twice in the animal's pedigree. The average of this sum for those animals is 0.0403. These data prove that breeders are being coached to keep the level of inbreeding at very low levels, even in the face of the low number of specimens. The genetic diversity of animals is high.

---

### RESUMEN

El objetivo principal es reducir al mínimo la consanguinidad y aumentar al máximo la diversidad en la raza autóctona de vaca Palmera, una población pequeña con un número efectivo de animales desde el punto de vista de la consanguinidad de 156. Para poder asesorar a los ganaderos en la planificación de los servicios se ha utilizado una aplicación informática, desarrollada por los autores, que permite calcular el coeficiente individual de consanguinidad (F), el grado de organización del pedigrí (P) de cada animal y la matriz de coascendencia para las posibles montas o servicios que se deseen organizar, a partir del pedigrí que también organiza la propia aplicación. El promedio del coeficiente individual de consanguinidad de los 348 animales nacidos entre el 01/01/2014 y el 01/05/2017, es de 0,0128 con una desviación típica de 0,0365. La aplicación informática calcula la diversidad genética de forma indirecta, realizando la suma de la consanguinidad propia, la de los padres y la de los abuelos, esta suma es 0 exacto si no se repite ningún antecesor en el pedigrí del animal, el promedio de este sumatorio para estos mismos animales es 0,0403. Estos datos permiten asegurar que el asesoramiento proporcionado a los

ganaderos está logrando mantener la consanguinidad en valores muy bajos, dado el escaso número de reproductores, y que el grado de diversidad genética de los animales es alto.

---

## INTRODUCCIÓN

La raza bovina Palmera es una raza autóctona de la isla de La Palma (Islas Canarias, España) en peligro de extinción (Real Decreto 2129/2008), su aprovechamiento principal es la producción de carne, aunque una parte importante de ganaderos destinan estos animales al arrastre de ganado, un deporte practicado en las Islas Canarias del cual existen competiciones regulares.

El censo a 01/05/2017 era de 567 animales vivos, de ellos reproductores 205 hembras y 48 machos por lo que el tamaño efectivo de la población queda reducido a 156 de pura raza ( $N_e = 4N_h N_m / (N_h + N_m)$ ) (Moreno A. 2007). En esta pequeña población la tasa de pérdida de variación y de heterocigosis por deriva génica puede llegar a ser muy alta, por ello resulta necesario para la conservación de la raza mantener la variabilidad genética, con este fin se han de planificar los apareamientos de forma que el incremento de la consanguinidad por cada generación sea lo menor posible.

La Asociación de Criadores de Vaca Palmera (AVAPAL) presta asesoramiento a los ganaderos para que puedan planificar las montas de la forma más adecuada posible, y les ofrece un panel de propuestas de los posibles apareamientos que mejor cumplen los objetivos de minimizar la consanguinidad de la descendencia, de entre las cuales el ganadero, en el ejercicio de su autonomía, elige aquellos que cree más oportunos.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Se han tenido en cuenta los 348 animales nacidos entre el 01/01/2014 y el 01/05/2017 e inscritos en el Libro Genealógico de la raza bovina Palmera, es decir que cumplen los requisitos marcados en la Legislación para su inclusión (ORDEN de 5 de agosto de 2014, BOC-A-2014-158-3656)

Para la gestión del libro genealógico se ha utilizado una aplicación informática diseñada a medida para AVAPAL, por lo autores, que además de fijar los controles que establece la normativa para la inclusión de los animales en el Libro Genealógico realiza las siguientes tareas:

- a) Organiza el pedigrí hasta el nivel de los tatarabuelos.
- b) Calcula el coeficiente individual de consanguinidad de cada uno de los animales (F) según el método de Método de Malecot o de los coeficientes de parentesco (Díez M. *et al.* 2013).
- c) Establece un índice que hemos denominado Coeficiente de organización del Pedigrí (P) para poder comparar el nivel de organización del mismo, dado que no es conocido por completo el pedigrí en todos los animales. El cálculo de este coeficiente de organización del pedigrí se realiza teniendo en cuenta que cada antecesor contribuye a la formación del pedigrí con un valor de  $(1/4)^i$ , siendo  $i$  el número de generaciones que lo separan del individuo  $x$ . Así si se contabiliza cada uno de los ancestros conocidos el Coeficiente de organización del pedigrí de un animal ( $x$ ) tendrá un valor:

$$P_x = \sum_{i=1}^{i=n} (1/4)^i$$

Este coeficiente de organización P permite valorar cada pedigrí aun cuando no se conozcan todos los individuos de una generación, a diferencia de otros coeficientes que tienen en cuenta el número de generaciones completas que se conocen de los antepasados de un animal, menospreciando los casos en los que se conoce solo parcialmente la componente de una generación. Este coeficiente aporta así una mayor precisión y ajustándose mejor a la realidad, ya

que a veces se conoce uno o varios de los antepasados de una generación, pero se desconocen algunos otros. Al ser un coeficiente que oscila entre 0 y 1, y poderse expresar también como porcentaje, las comparaciones son sencillas y los cálculos para una población fáciles.

d) Calcula la matriz de coascendencia de los animales que se seleccionen.

e) Realiza, para cada animal, la suma de la consanguinidad propia, la de cada uno de los padres y la de cada una de los abuelos, este parámetro, al que para abreviar hemos denominado Consanguinidad acumulada (Fa) permite comparar y ordenar a cada uno de los animales atendiendo al número de antecesores diferentes que tiene en su pedigrí y es reflejo de la mayor o menor representación del conjunto de los animales de la población.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La media del coeficiente individual de consanguinidad de los 348 animales nacidos en el periodo comprendido entre 01/01/2014 y el 01/05/2017 es 0,0128 (tabla I) y se puede apreciar que la consanguinidad media de la población no ha aumentado, como se podía prever para poblaciones pequeñas (Alba J. ,1964) sino que se mantiene estable, lo cual es deseable (Knud C., 2013) con ligeras variaciones, en torno a 0,0125 (figura 1). Es decir, unos niveles de consanguinidad muy aceptables.

**Tabla I.** Evolución de la consanguinidad F, Coeficiente de organización del pedigrí P y de la Consanguinidad acumulada Fa (*Evolution of inbreeding F, Coefficient of organization of pedigree P and accumulated inbreeding Fa*).

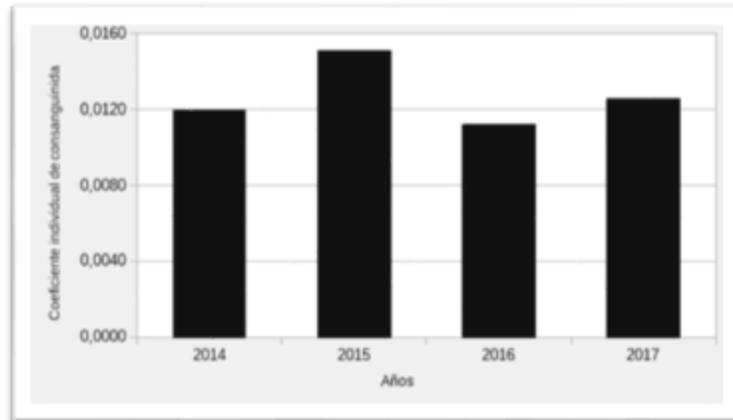
Año de nacimiento	N.º Animales	Coeficiente individual de consanguinidad (F)		Coeficiente de organización del pedigrí (P)		Consanguinidad acumulada (Fa)	
		Media	$\sigma$	Media	$\sigma$	Media	$\sigma$
2014	126	0,0119	0,0390	0,8327	0,0759	0,0349	0,0607
2015	108	0,0151	0,0391	0,8556	0,0512	0,0439	0,0661
2016	86	0,0112	0,0326	0,8678	0,0573	0,0421	0,0641
2017*	28	0,0126	0,0261	0,8903	0,0273	0,0465	0,0715
Total	348	0,0128	0,0366	0,8526	0,0640	0,0403	0,0639

\*solo hasta el 01/05/2017

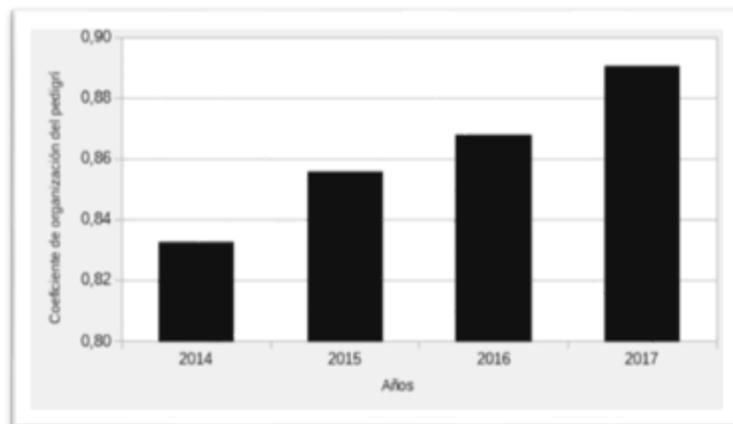
La media del coeficiente de organización del pedigrí (P) es 0,8526 (tabla I) significando esto que por término medio conocemos entre 6 y 7 de los bisabuelos. A lo largo de estos años el conocimiento del pedigrí de los animales ha mejorado (figura 2) pues cada vez se tiene un registro más completo de la genealogía, genealogía que se va acumulando generación tras generación, lo cual nos permite asegurar que los valores de los coeficientes individuales de consanguinidad son cada vez más precisos, de la misma forma mejora la exactitud al efectuar la matriz de coascendencia en la planificación de los apareamientos.

La media de la consanguinidad acumulada (Fa) es 0,0403 (tabla I) y muestra un aumento a lo largo del tiempo (figura 3) este incremento se puede explicar, no tanto como una disminución de la representación de la población en los antecesores de los animales nacidos en el último año sino

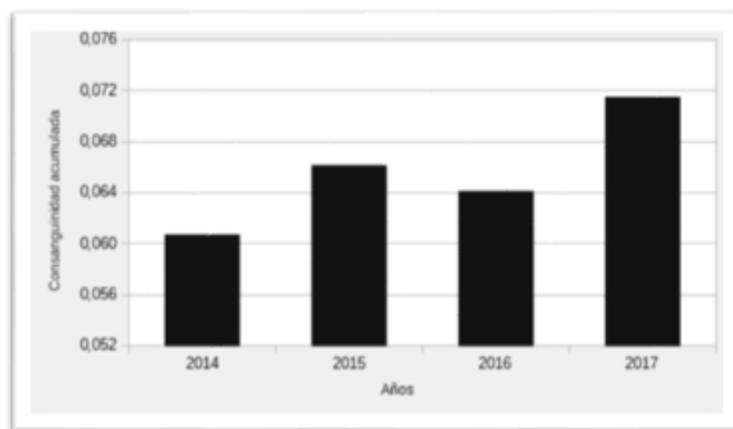
que de los animales nacidos en el año 2014 se conocen entre 5 y 6 de los 8 bisabuelos ( $P = 0,8327$ ) por el contrario de los animales nacidos en el año 2017 se conocen todos los bisabuelos y al menos 3 de los tatarabuelos ( $P = 0,8903$ ), lo cual hace que los cálculos de consanguinidad para aquellos animales de los que desconocemos sus antepasados tiendan a ser menores.



**Figura 1.** Evolución de la consanguinidad media (*Evolution of medium inbreeding*).



**Figura 2.** Evolución de la organización del pedigrí (*Evolution of the organization of the pedigree*).



**Figura 3.** Evolución la consanguinidad acumulada  $F_a$ . (*Evolution of the accumulated inbreeding  $F_a$* ).

## **CONCLUSIONES**

El asesoramiento proporcionado a los ganaderos en la planificación de los apareamientos, basado en los cálculos efectuados a partir del pedigrí con el programa de gestión del libro genealógico, está permitiendo mantener la consanguinidad de la población y por tanto la variabilidad genética en unos valores buenos para ser una población pequeña.

## **AGRADECIMIENTOS**

Los autores agradecen la inestimable colaboración de la Asociación de Criadores de Vaca Palmera (AVAPAL) depositaria del Libro Genealógico de la Vaca Palmera y de los ganaderos propietarios de los animales.

## **BIBLIOGRAFÍA**

Alba J. 1964. Reproducción y genética animal. Pág. 215-216.

Díez M., Gallego A. y Benito C. 2013. <https://www.ucm.es/data/cont/media/www/pág-56185/26b-Gen%C3%A9tica%20Evolutiva.-Endogamia.pdf>. Consultado el 26/06/2017.

Knud C. 2013 <http://www.husdyr.kvl.dk/htm/kc/popgen/genetica/9/3.htm> Consultado el 6/07/2017.

Moreno A. 2007 Tamaño efectivo de la población abril. Ecología molecular. Pág. 63- 65.