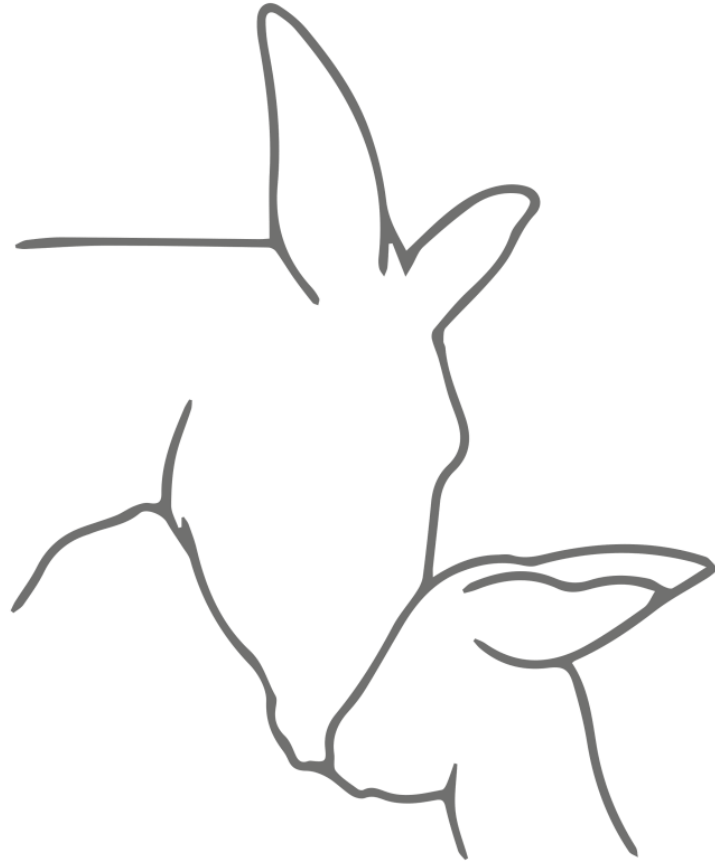


# INFORME DE ACTUACIONES DESARROLLADAS POR LA UNIVERSIDAD

## DE CÓRDOBA A ASNOPRA



**A S N O P R A**

ASOCIACIÓN ASNO  
PURA RAZA ANDALUZA



### I. INTRODUCCIÓN

No solo estudios a nivel mundial sobre el burro doméstico han generado preocupaciones acerca del riesgo de extinción de las razas de burros individualmente, sino también sobre la especie en su conjunto. Las herramientas que nos permiten comprender la evolución de las diferentes poblaciones de burros a lo largo del tiempo, las tendencias futuras que describen y los factores que condicionan dichas tendencias se vuelven puntos críticos e invaluable al intentar preservar y recuperar esas poblaciones de burros de su complejo estado. Basándonos en la característica falta de información de antecedentes y los sistemas de crianza comúnmente aplicados, es posible inferir un modelo para evaluar la estructura genética y demográfica de ciertas poblaciones de burros utilizando una raza en particular como ejemplo. Con el asno egipcio y otras razas del norte de África bastante indefinidas como ancestros directos, los primeros precursores de la raza de burro andaluza habrían sido introducidos en la península en el siglo VI a.C., como animales domésticos con los movimientos trashumantes de los camitas, componentes posteriores del pueblo ibérico, un hecho que destaca a esta raza entre las demás, como uno de los remanentes directos de la conexión con los primeros ancestros africanos de burros. Los únicos restos existentes de la presencia temprana de esta especie en la península ibérica aparecen en niveles celtibéricos en sitios en el País Vasco y Navarra, respaldando la teoría de que los celtíberos habrían introducido burros desde África a través del norte. Las primeras migraciones humanas abandonaron África a través del estrecho árabe de Bab el-Mandeb y alcanzaron Europa alrededor de hace 45,000 años, siguiendo ascendente la costa afro-mediterránea, para finalmente establecerse en los territorios del sureste ibérico, según las hipótesis genéticas y antropológicas más probables. La raza de burro andaluza alcanzaría su máxima concentración a principios del siglo XIX, superando las fronteras de la cuenca del río Guadalquivir, algo que no la excluyó de ser reconocida como en peligro de extinción por el Catálogo Oficial de Razas Ganaderas de España. Los diferentes obstáculos censales que la raza tuvo que

enfrentar datan del final del Califato Omeya Cordobés (756-1031 d.C.) y culminan con el proceso de industrialización de la región desde mediados del siglo XIX. Esto provocaría la última reducción drástica de su censo y su actual estado de peligro de extinción, como consecuencia de la desaparición de las causas que originaron su creación, cría y selección: el transporte de cultivos a través de una red de transporte ineficiente y la producción de mulas. Aunque comenzó a ser notado científicamente en la década de 1910, la primera referencia al libro de registro de la raza de burro andaluza no aparecería hasta 1939. Sin embargo, su estructura genética ha permanecido desconocida. La información del libro de registro, el estado de diversidad genética, la estructura de la población y la evaluación de las prácticas de cría se han vuelto herramientas indispensables para el desarrollo de programas de conservación, ya que la valoración de los burros todavía se realiza teniendo en cuenta su ascendencia, lo que confiere una base económica más estricta al control de la endogamia y la gestión del apareamiento. Su contexto y métodos de cría tradicionales pueden haber llevado a un aumento de la endogamia, una reducción del tamaño efectivo de la población y una consiguiente pérdida de diversidad genética.

## II. MATERIAL Y MÉTODOS

### *II. a. Registros de datos y herramientas de software*

El archivo de pedigrí completo proporcionado por ASNOPRA incluyó 1512 animales que constituyen la población histórica: 422 machos y 1090 hembras nacidos entre enero de 1980 y septiembre de 2023. Todos los registros fueron genotipados y se realizaron pruebas de filiación para las crías incluidas en el pedigrí con 28 marcadores moleculares recomendados por la Sociedad Internacional de Genética Animal. Se evaluaron los parámetros demográficos y genéticos de la variabilidad existente en el pedigrí y se rastrearon hasta los ancestros. Los análisis se realizaron utilizando el software ENDOG (v4.8) (Gutiérrez et al., 2005) en el archivo de pedigrí completo (población histórica descrita anteriormente), en la población actual o animales vivos en la población histórica (841, 251 machos y 590 hembras, nacidos de enero de 1980 a septiembre de 2023) y un conjunto de población de contraste (472 animales

vivos, 214 machos y 258 hembras), incluyendo aquellos burros en la población actual de los cuales ambos padres eran conocidos.

## *II. b. Elaboración del Rankin de animales de acuerdo a su potencial para la conservación*

A continuación, haremos una breve descripción de los tres criterios de selección mencionados anteriormente, con vistas a facilitar su comprensión por parte de los técnicos y ganaderos, para conseguir optimizar su utilización en la selección de reproductores, primero, y para decidir su utilización más recomendable.

### II.b.1. Coeficiente de Consanguinidad.

Este coeficiente fue definido por Wright en 1922, el cual lo definió como la probabilidad de que dos alelos de un determinado locus sean idénticos por ascendencia. Esto quiere decir que dos genes de un determinado locus procedan de un antepasado común. Por tanto, una alta consanguinidad en un individuo determina una tendencia a la homocigosis y por tanto a sus consecuencias, como son la disminución de la eficiencia productiva y reproductiva, la baja resistencia al estrés, o la aparición de expresiones de genes deletéreos como deficiencias genéticas de distinto tipo. Todo ello causa una baja eficiencia biológica en los individuos.

A nivel poblacional, la consanguinidad promedio nos indica la situación genética de la población. Una alta consanguinidad poblacional implica una disminución de la diversidad genética y con ello una baja capacidad productiva, reproductiva y adaptativa. En general, niveles de consanguinidad poblacional superiores al 10-11% suponen una gran amenaza para la supervivencia de la población.

Por todo ello, es muy importante el comprobar la evolución del incremento de la consanguinidad poblacional por año o por generación, ya que esto nos pone sobre aviso del comportamiento de la raza, por un lado; y sobre la eficacia del programa de conservación en marcha, por otro.

## II.b.2. Coeficiente de Conservación Genética

Cuando se inicia la gestión genética de una población por medio del conocimiento y registro de las relaciones familiares entre los individuos, decimos que se trata de una población genealógica. Este inicio se entiende como la fundación de la población genealógica y los individuos registrados en este inicio son considerados fundadores.

Según van avanzando las generaciones van surgiendo sucesivas oleadas de individuos descendientes de los fundadores y nos interesa disponer de alguna forma de conocer la influencia en el pedigrí de los futuros descendientes de los animales que fundaron la población, debido a que esto sería una medida de la genuinidad que se va manteniendo en la evolución de la población.

Alderson (1990, 1992) propuso por primera vez el concepto de coeficiente de conservación genética, basándose en el número efectivo de los fundadores en los pedigrís. Sobre el valor de este coeficiente influyen dos cuestiones; por un lado, el número de fundadores presentes en el pedigrí, y por otro, la cercanía en el pedigrí de los mismos respecto al individuo. Por tanto, los animales con más fundadores en su pedigrí y con el posicionamiento más reciente de los mismos en el árbol genealógico, son los más interesantes.

El coeficiente de conservación genética cumple este requisito ya que tiene en cuenta los animales fundadores y las segregaciones ocurridas entre ellos y el individuo en cuestión. La fórmula de cálculo del coeficiente de conservación genética sería:  $CCG = 1 / \sum p_i^2$

Donde  $p_i$  es la proporción de genes de un determinado fundador en el pedigrí del individuo, o también, la probabilidad de que un gen de un determinado locus procedente de un determinado ancestro fundador esté presente en el genoma de un individuo.

## II.b.3. Coeficiente de Coascendencia.

Este coeficiente se define como la probabilidad de que dos individuos posean en un mismo locus dos genes idénticos por ascendencia, es decir, la probabilidad de que ambos individuos hayan recibido el mismo gen procedente de un antepasado común. Por tanto, la coascendencia de una determinada pareja de potenciales reproductores sería igual a la consanguinidad que tendría su potencial descendiente. Por ello, este coeficiente definido por Malécot en 1948, nos resulta muy útil para hacer una prospección sobre cuáles son los apareamientos que van a ofrecer la mínima consanguinidad en los descendientes, y por tanto, nos van a generar un menor incremento de la consanguinidad en la población, permitiéndonos controlar la pérdida de diversidad genética.

Utilizando este criterio, realizamos una matriz de coascendencia que enfrenta a todos los machos y hembras activos, pudiendo ordenar así los apareamientos de más a menos recomendables, apoyando así la toma de decisiones.

### **III. EVALUACIÓN GENÉTICA DE LOS REPRODUCTORES**

Entrando ya en la presentación de resultados, debemos puntualizar que todos los análisis básicos han sido llevados a cabo con el programa ENDOG (Gutiérrez y Goyache, 2005).

Comenzamos la presentación con las clasificaciones de los machos y hembras activos reproductivamente en la población, en función de un índice combinado, que tiene en cuenta de forma proporcionada y simultánea la clasificación de los animales en la población, en función de sus coeficientes individuales de consanguinidad y de conservación genética.

El procedimiento de cálculo ha sido el siguiente:

- 1.- Preparación de la base de datos de pedigrí.
- 2.- Cálculo de los coeficientes de consanguinidad y de conservación genética.
- 3.- Clasificación de los animales en orden ascendente para el coeficiente de consanguinidad y descendente para el coeficiente de conservación genética.

4.- Aplicación de un índice combinado:  $ICO = (1/PCC) + (1/PCCG)$

Donde:

- ICO: índice combinado.
- PCC: Puntos por coeficiente de consanguinidad.
- PCCG: Puntos por coeficiente de conservación genética.

5.- Clasificación de los machos y de las hembras en función del índice.

En la tabla 1 anexa se muestran los resultados de la evaluación de los animales vivos tanto sementales como hembras reproductoras, ordenados de mayor a menor por el índice combinado que tiene en cuenta los coeficientes de consanguinidad y de conservación genética, proporcionados adecuadamente. Todos los resultados se han obtenido con la información registrada en el libro genealógico de la raza, por ello cualquier relación de parentesco que no sea oficial, no se ha computado.

En las tablas sólo se representan los reproductores activos y debemos tener en cuenta que los individuos con el mismo valor del índice deben considerarse con la misma categoría, aunque ocupen distintas posiciones en el ranking.

Esta información debe tenerse en cuenta a la hora de seleccionar los reproductores, ya que los animales con los índices más altos son los que poseen una mayor diversidad y representatividad.

#### **IV. PLANIFICACIÓN DE LOS APAREAMIENTOS**

Una vez que los sementales y las hembras reproductoras han sido evaluados genéticamente por su diversidad (coeficiente de consanguinidad) y por su representatividad (coeficiente de conservación genética), debemos implementar los mecanismos para saber cómo utilizarlos en la reproducción.

Para ello utilizamos el coeficiente de coascendencia para establecer una matriz enfrentando a todos los reproductores machos y hembras activos

disponibles en la población, obteniendo así el valor de los coeficientes de consanguinidad que tendrían sus potenciales descendientes.

En este caso, presentamos los resultados generales involucrando a todos los animales registrados. En estas presentaciones hemos utilizado las hembras de cada ganadería como referencia, así como los apareamientos con todos los machos de la población ordenados de más a menos recomendables.

Estos listados pretenden ser un útil en el que los ganaderos puedan comprobar la oportunidad de los apareamientos que deseen hacer. Valores de cero indican una nula consanguinidad de la descendencia potencial, otros valores indican relaciones consanguíneas en mayor o menor medida.

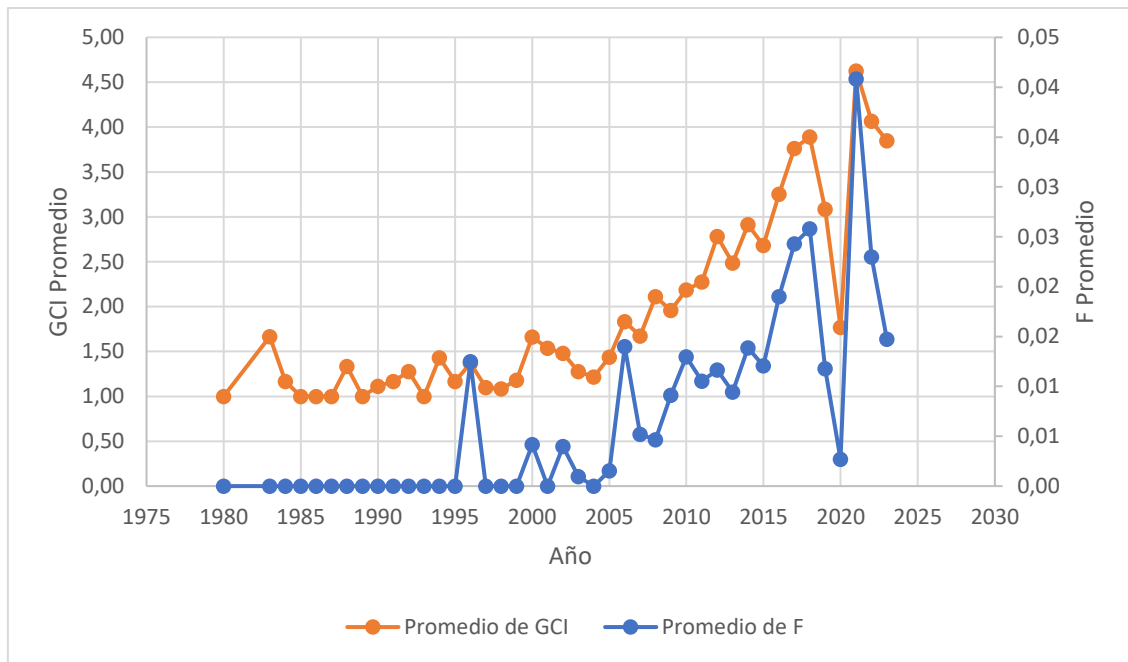
## V. ESTUDIO POBLACIONAL

Finalmente se aprovecha el presente estudio para realizar un análisis de la situación genética de la población y de su evolución interanual.

En la figura 1 se puede observar la evolución de los promedios de consanguinidad de los animales nacidos cada año, entre el periodo 2005 y 2020. Nuestros resultados indican un comportamiento ascendente, que advierte de una mala gestión genética, ya que se están incrementando la consanguinidad y perdiéndose diversidad genética, en la que los comportamientos de los coeficientes de consanguinidad y de conservación genética son muy planos.

**Figura 1.** Evolución de los coeficientes de consanguinidad promedio (F) y coeficientes de conservación genética promedios (GCI).





El comportamiento del coeficiente de conservación es óptimo, ya que asistimos a un incremento significativo a través de las generaciones. Esto significa una buena utilización de los fundadores en la reproducción, manteniendo la genuinidad en la raza lo cual repercute en una preservación del acervo genético de la población inicial entre los individuos registrados en el libro genealógico de la raza.

## VI. REFERENCIAS

- Alderson, L. 1990. Genetic conservation of domestic livestock. Wallingford, U.K.: CAB International, p. 242.
- Alderson, L. 1992. A system to maximize the maintenance of genetic variability in small populations. In: ALDERSON, L.; BODO, I. (Eds.) Genetic conservation of domestic Livestock II. Wallingford: CABI, p.18-29.
- Gutiérrez J.P. & Goyache F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. Journal of Animal Breeding and Genetics 122, p. 172-176.

- Malécot, G. 1948. Les mathématiques de l'hérédité. Paris: Masson & Cie.
- Wright, S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. Amer. Natur, 56, p. 330-338