JORNADA SOBRE RAZAS AUTÓCTONAS-CAPV
11 de Noviembre de 2015
Arkauti (Araba)

GESTIÓN GENÉTICA EN LOS PROGRAMAS DE CONSERVACIÓN DE LAS RAZAS AUTÓCTONAS

UAB
Universitat Autònoma de Barcelona



facultat de Veterinària

Dr. JORDI JORDANA

DEPARTAMENTO DE CIENCIA ANIMAL Y DE LOS ALIMENTOS
FACULTAD DE VETERINARIA
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BARCELONA



BIODIVERSIDAD DOMÉSTICA

ESPECIES

RAZAS

ESPECIES







RAZAS

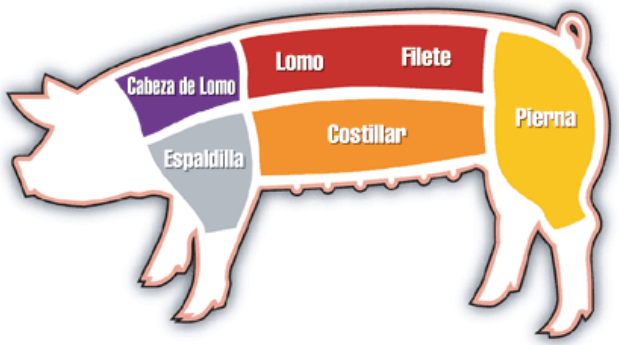






RAZA PURA → **LIBRO GENEALÓGICO**

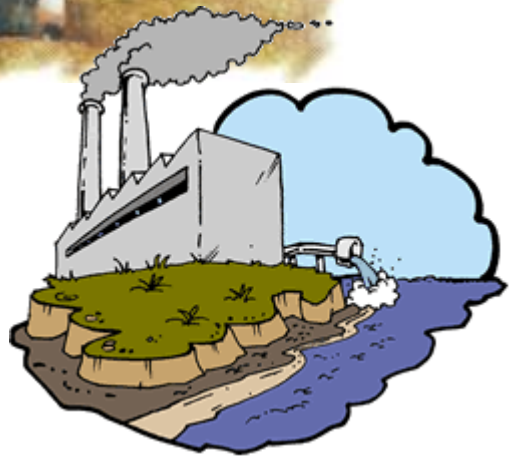
SIGLO XX





OBJETIVO: CANTIDAD DE PRODUCTO







SIGLO XXI





POSIBLE DEBATE

PREGUNTA:

¿Se tienen que conservar o no todas las razas que están en riesgo de extinción?

Pero…

antes de entrar en ese debate deberíamos saber…

¿QUÉ TENEMOS?

LAS POBLACIONES DEBERÍAN ESTAR CARACTERIZADAS





HISTÓRICAMENTE

MORFOLÓGICAMENTE

FUNCIONALMENTE

GENÉTICAMENTE

PRODUCTIVAMENTE

REPRODUCTIVAMENTE

DEMOGRÁFICAMENTE

GENEALÓGICAMENTE

……







COMPARACIÓN CON OTRAS POBLACIONES

CUANTIFICAR: Similitud/Disimilitud

¿POSIBLE OBJETIVO?

"Su aceptación o no como posible raza autóctona, oficialmente reconocida, por el Comité de Razas nacional correspondiente"

PIRENAICA

PIRENAICA

CONSERVACIÓN DE RAZAS

- Aspectos sociales y económicos
- Aspectos genéticos



AICA

RED CONBIAND

Biodiversidad de los Animales y Domésticos Locales

UNA VISIÓN SOCIO-ECONÓMICA DE LA CONSERVACIÓN DE LAS RAZAS Y SISTEMAS LOCALES BASADA EN SUS PRODUCTOS DIFERENCIADOS

A SOCIO-ECONOMIC VIEW OF THE BREEDS AND LOCAL SYSTEMS CONSERVATION BASED ON THEIR DIFFERENTIATED PRODUCTS

Jordana J.[1], Delgado J.V.[2*]

[1]Dep. Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra (Barcelona). España.

[2]Departamento de Genética. Universidad de Córdoba, Campus de Excelencia Internacional Agroalimentario, ceiA3. *juanviagr218@gmail.com

OBJETIVOS GENERALES DE LOS PROGRAMAS



PROGRAMA DE MEJORA O DE SELECCIÓN: programa gestionado por la asociación de criadores, que tiene por objetivo la elección de los mejores reproductores de la raza, con la finalidad de que sus características deseables, definidas en los objetivos de selección, se transmitan a la descendencia.

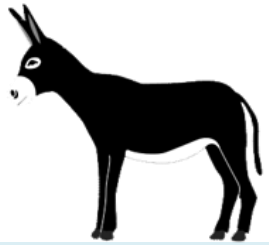
OBJETIVOS GENÉTICOS:

1.- Acumular en la población genes (alelos) favorables al carácter de interés económico que se desea mejorar.

¿CÓMO LO PODEMOS HACER?

- Evaluando genéticamente a los reproductores (información productiva)
- Estableciendo los apareamientos más óptimos para obtener la máxima productividad

OBJETIVOS GENERALES DE LOS PROGRAMAS



PROGRAMA DE CONSERVACIÓN: programa gestionado por la asociación de criadores, que tiene per objetivo el mantenimiento de la diversidad genética para garantizar la conservación de la raza, y evitar así su extinción o para aumentar los censos.

OBJETIVOS GENÉTICOS:

1.- El mantenimiento de la máxima cantidad de diversidad genética ancestral de la raza.

2.- La minimización de los incrementos de consanguinidad por generación.

¿CÓMO LO PODEMOS HACER?

- Calculando los coeficientes de Coascendencia Molecular y Genealógica entre individuos
- Recomendando los apareamientos más óptimos per lograr estos objetivos

RAZA AUTÓCTONA
(censo reducido)



¿QUÉ SE PUEDE HACER?

- **¿Programa de Mejora/Selección?**

  (La Selección es la principal causa de pérdida de genes)

- **¿Dejar que se apareen al AZAR?**

  (Consecuencias de la deriva genética en las poblaciones pequeñas)

- **¿Apareamientos rotatorios?**

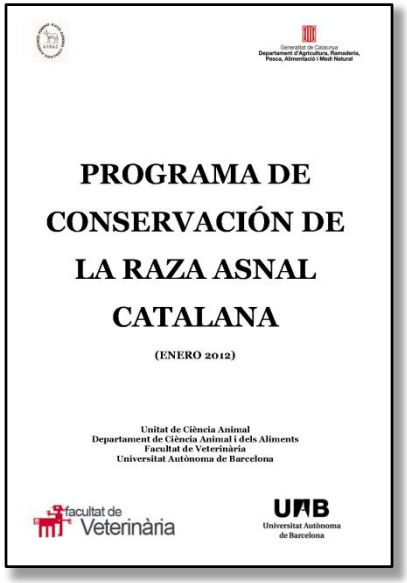
  (Empírico y existencia de subpoblaciones más o menos independientes. Programa de cesión de reproductores: RAC-AFRAC, 1978)

- **¿Programa de Conservación?**

  (Apareamientos dirigidos con mínima coascendencia)

- **PROGRAMA: CONSERVACIÓN + MEJORA**

PROGRAMA DE CONSERVACIÓN



- **Programar apareamientos de mínima coascendencia entre todos los individuos de la población**

Indirectamente: ***se mantendrán las óptimas características y aptitudes morfofuncionales de la raza, al ser los reproductores individuos del RD del Libro Genealógico***



¿POR QUÉ ES IMPORTANTE DEFINIR EL ESTÁNDAR RACIAL, EL PROTOTIPO DE UNA RAZA?

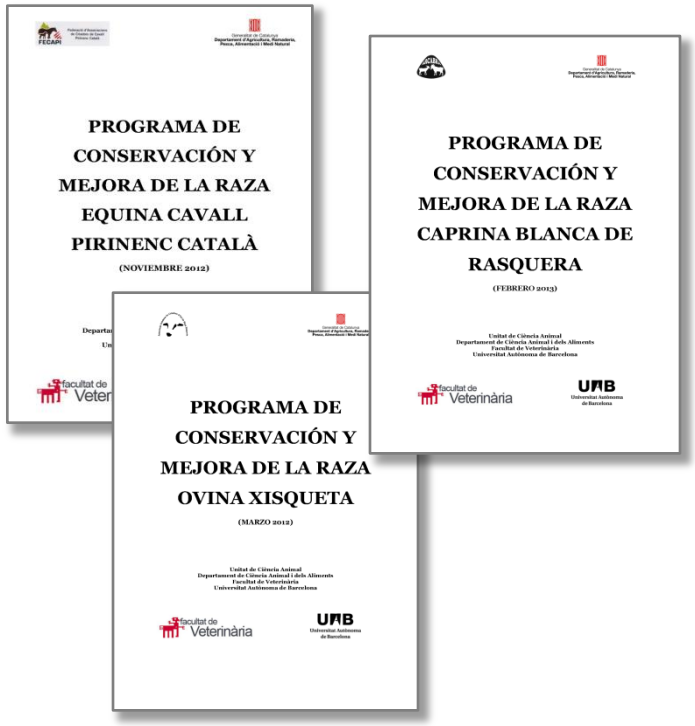
1.- Para mantener en el tiempo sus características morfológicas y funcionales.

2.- Para escoger los animales que se ajusten a este prototipo y poderlos incluir así en el Libro Genealógico de la raza (puntuaciones mínimas requeridas).

3.- Para fomentar la raza como patrimonio cultural y genético, y para que ayude en la conservación mediombiental y microeconómica de las zonas donde se ubica.



PROGRAMA DE CONSERVACIÓN + MEJORA



- **Mejorar los rendimientos de algunas características de interés de la población.**
  Selección Intrafamiliar: BLUP, IS…

- **Programar apareamientos con mínima coascendencia entre los reproductores seleccionados**



CONSECUENCIAS DE LA CONSANGUINIDAD

- **Se incrementa (*"destapa"*) la frecuencia de defectos o enfermedades hereditarias recesivas en la población. Esto se debe al aumento de la homocigosis.**

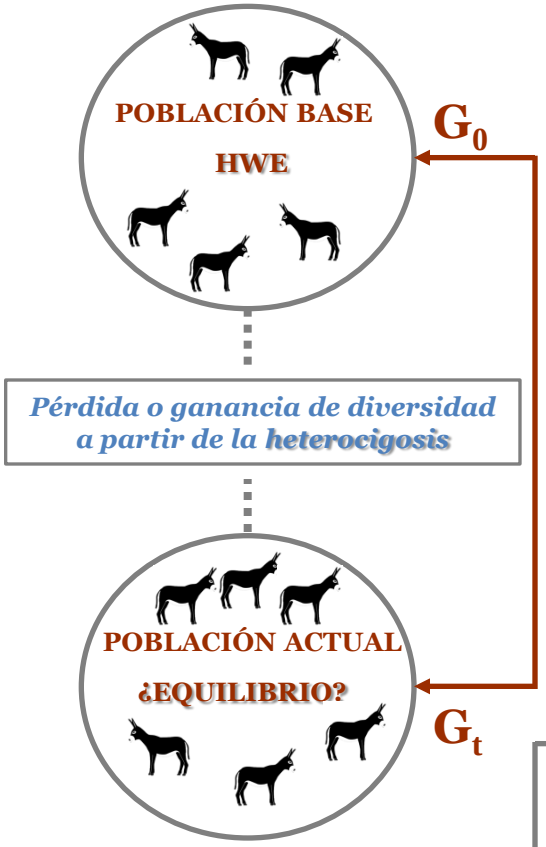
- **DEPRESIÓN CONSANGUÍNEA sobre los caracteres métricos**

Disminución del valor fenotípico medio de la población, principalmente en caracteres relacionados con la capacidad reproductiva y el vigor general, y en menor medida en los caracteres de producción. Esto se debe al cambio en las frecuencias genotípicas.





F de WRIGHT ≈ CONSANGUINIDAD EN POBLACIÓN IDEAL



POBLACIÓN BASE (HWE)
Población Ideal, únicamente que es PEQUEÑA

DERIVA GENÉTICA

MUESTREO (debido al AZAR) ≈ **CONSANGUINIDAD** (apareamiento entre PARIENTES)

⇈ *probabilidad de que se apareen individuos emparentados*

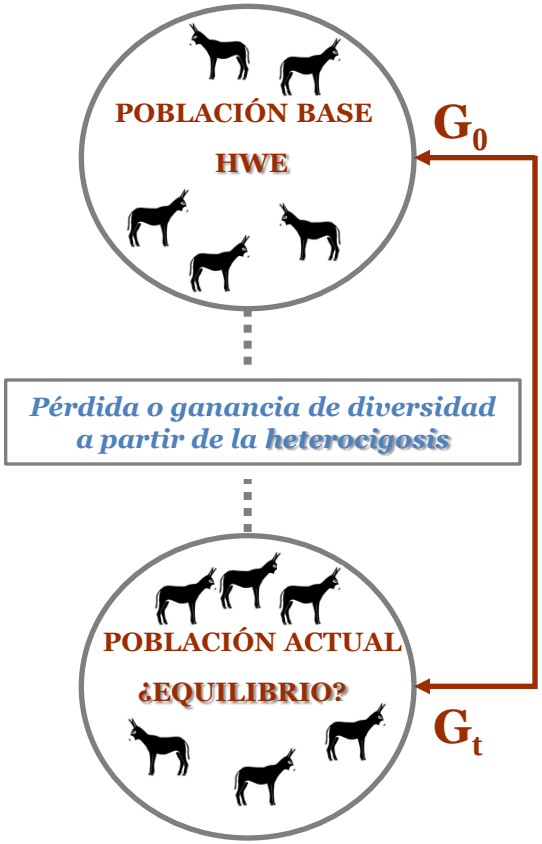
⇈ **Homocigotos**

⇊ **Heterocigotos**

⇊ **Heterocigosis** ≈ **Consanguinitat**

F de WRIGHT ≈ CONSANGUINIDAD (POBLACIÓN IDEAL)

F de WRIGHT ≈ CONSANGUINIDAD EN POBLACIÓN IDEAL

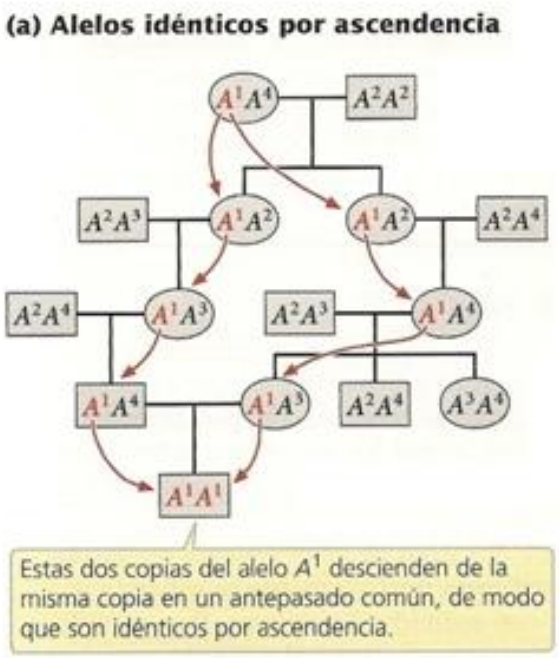


COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD (F):

Parámetro que nos permite medir la rapidez con la que se alcanzará la homocigosis.

Probabilidad de que dos alelos de un *locus* de un individuo, sean idénticos per descendencia (AUTOCIGOTOS).

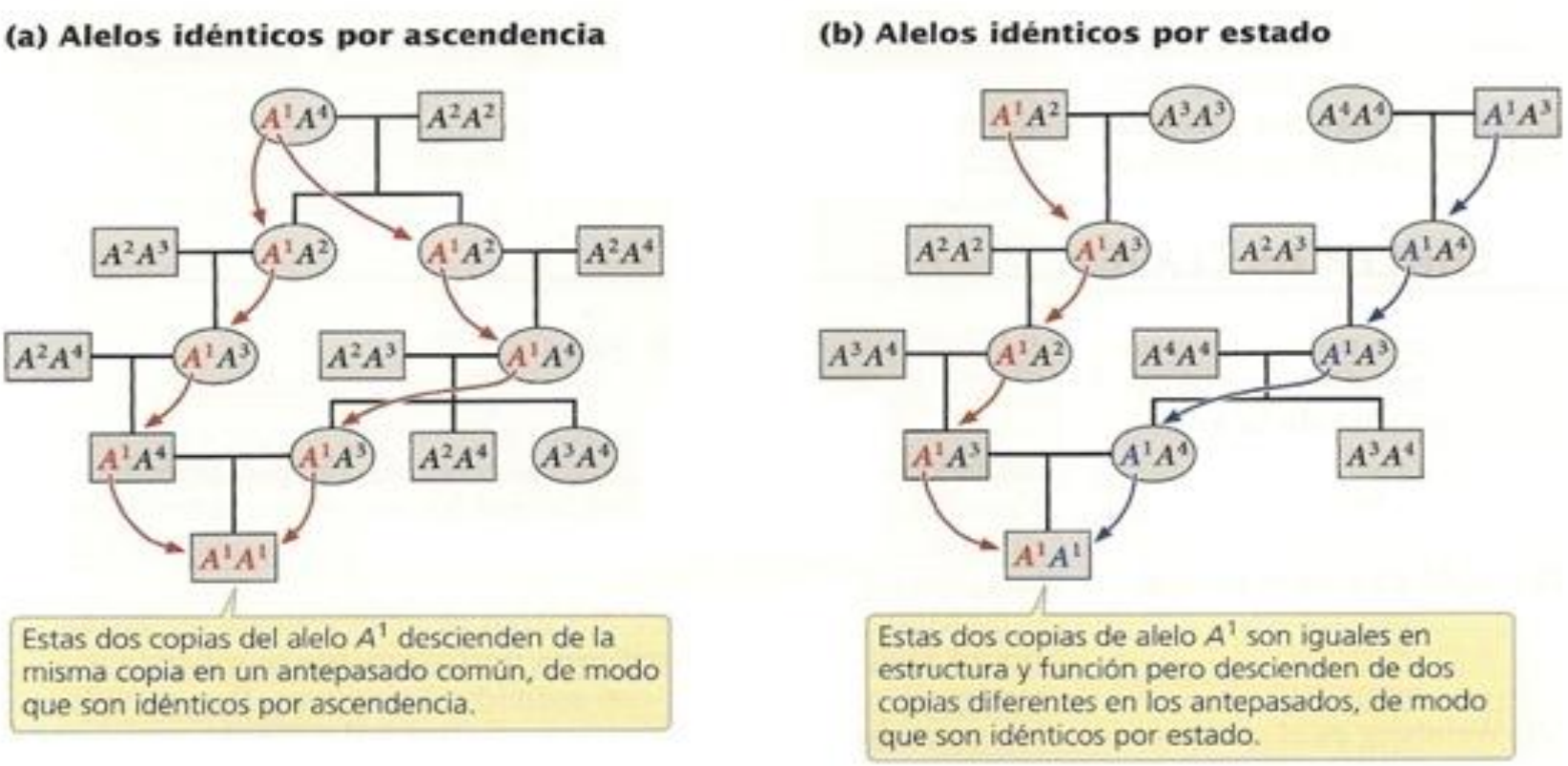
Concepto de: homocigotos de origen independiente (ALOCIGOTOS). Homocigotos idénticos por estado.



GENEALOGÍA Y COEFICIENTES GENEALÓGICOS

IDENTIDAD POR DESCENDENCIA

IDENTIDAD POR ESTADO



BASE DE:

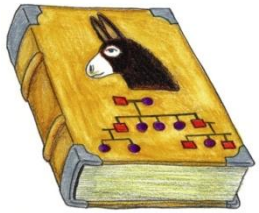
COASCENDENCIA GENEALÓGICA

COASCENDENCIA MOLECULAR

Dependiendo de las herramientas o disponibilidades que tengamos (Asociación)…

¿CÓMO PODREMOS DISEÑAR LOS APAREAMIENTOS?





LOS LIBROS GENEALÓGICOS

LIBRO GENEALÓGICO (LG): Cualquier libro, fichero, registro o sistema informático gestionado por una asociación de ganaderos reconocida oficialmente o un servicio oficial, en el que se inscriban o registren los animales de una raza determinada, haciendo mención de sus ascendientes.

CONTENIDOS MÍNIMOS DE LA REGLAMENTACIÓN DE LOS LG

1.- Características de la raza: denominación, prototipo racial y sistema de calificación.

2.- Métodos específicos para la identificación de los animales

3.- Estructura o división del Libro Genealógico

4.- Requisitos para la inscripción de los animales en el LG

5.- Medidas para garantizar la fiabilidad de las filiaciones o control de parentescos

(Real Decreto 2129/2008, BOE Núm 23, de 27 de enero de 2009)

ESTRUCTURA DEL LIBRO GENEALÓGICO

Registro Fundacional (RF)

REGISTRO DE NACIMIENTOS (RN)

Registro Auxiliar (RAA, RAB)

Registro de Méritos (RM)

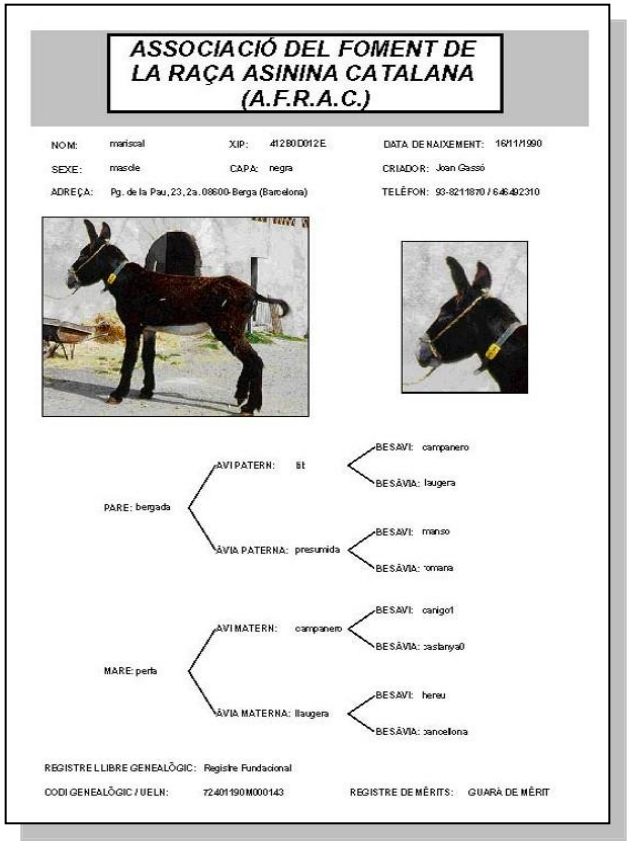
REGISTRO DEFINITIVO (RD)

Secciones Principales

Secciones Anejas

Descendientes

Reproductores



ASSOCIACIÓ DEL FOMENT DE LA RAÇA ASININA CATALANA (A.F.R.A.C.)

NOM: mariscal XIP: 41280D012E DATA DE NAIXEMENT: 16/11/1990

SEXE: mascle CAPA: negra CRIADOR: Joan Gassó

ADREÇA: Pg. de la Pau, 23, 2a. 08600-Berga (Barcelona) TELÈFON: 93-8211870 / 646492310

PARE: bergada
- AVI PATERN: tit
  - BESAVI: campanero
  - BESÀVIA: laugera
- ÀVIA PATERNA: presumida
  - BESAVI: manso
  - BESÀVIA: romana

MARE: perla
- AVI MATERN: campanero
  - BESAVI: canigo1
  - BESÀVIA: castanya0
- ÀVIA MATERNA: llaugera
  - BESAVI: hereu
  - BESÀVIA: barcellona

REGISTRE LLIBRE GENEALÒGIC: Registre Fundacional

CODI GENEALÒGIC / UELN: 724011901M000143 REGISTRE DE MÈRITS: GUARÀ DE MÈRIT

GESTIÓN DEL LIBRO GENEALÓGICO

DAAM (Generalitat de Catalunya)
(Direcció General d'Agricultura i Ramaderia)

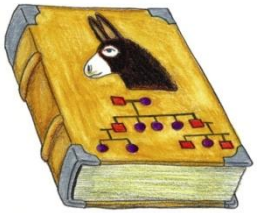
Generalitat de Catalunya
Departament d'Agricultura, Ramaderia, Pesca, Alimentació i Medi Natural

ENTIDAD COLABORADORA DEL LG

AFRAC – ASSOCIACIÓ DEL FOMENT DE LA RAÇA ASININA CATALANA
(Entidad Gestora del Libro Genealógico)







LIBRO GENEALÓGICO → **Coascendencia Genealógica entre individuos**

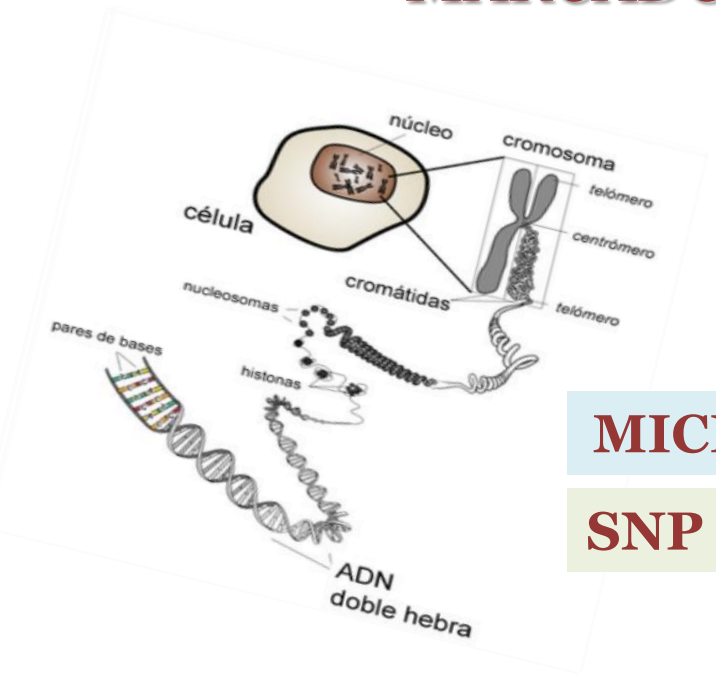
PROFUNDIDAD de pedigrí → *Varias generaciones conocidas*

INTEGRIDAD de pedigrí → *Máxima plenitud de datos*

FIABILIDAD de pedigrí → *Control de parentescos (ADN)*

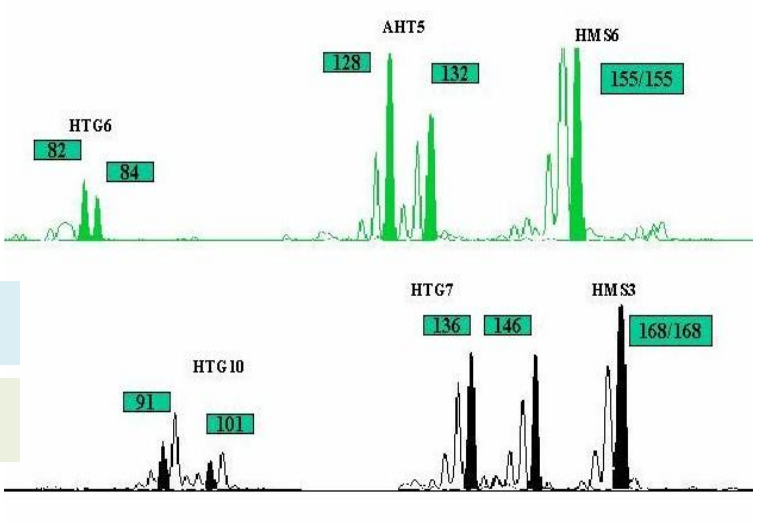
¡EL LIBRO GENEALÓGICO ES EL PRINCIPAL ELEMENTO DE INTERÉS PARA LA BUENA GESTIÓN DE LA RAZA !

MARCADORES GENÉTICOS (ADN)



MICROSATÉLITES

SNP (bialélicos)



1.- Se dispone del perfil genético de una gran mayoría (todos idealmente) de individuos

2.- Se ha realizado un estudio genético de la raza (población muestral), estructurada en subpoblaciones (valles, pueblos, explotaciones,...)

MARCADORES GENÉTICOS (ADN)

1.- Se dispone del perfil genético de una gran mayoría (todos idealmente) de individuos

ADN (marcadores) → **Coascendencia Molecular entre individuos**

- ***De utilidad cuando no se dispone de información genealógica (LG), o es incompleta***
- ***Costo económico, pero, permite el control de filiaciones (fiabilidad LG)***
- ***De forma práctica, lo más óptimo es la combinación de ambas (molecular + genealógica)***



PROGRAMACIÓN ÓPTIMA DE APAREAMIENTOS

INFORMES:



Universitat Autònoma de Barcelona

RAÇA ASININA CATALANA

INFORME DE LA UNIVERSITAT AUTÒNOMA DE BARCELONA A L'ASSOCIACIÓ DEL FOMENT DE LA RAÇA ASININA CATALANA (AFRAC) EN RELACIÓ ALS AJUTS PER A FOMENTAR LES RACES AUTÒCTONES EN PERILL D'EXTINCIÓ



Unitat de Ciència Animal
Departament de Ciència Animal i dels Aliments
Facultat de Veterinària (U.A.B.)

Informe elaborat pel:
Dr. Jordi Jordana Vidal
Col·laboradors: Ainhoa Ferrando i Maria Casas
Bellaterra, desembre de 2009



Universitat Autònoma de Barcelona

RAÇA ASININA CATALANA

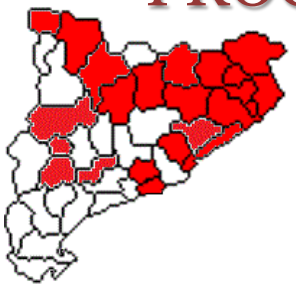
PROGRAMACIÓ DELS APARELLAMENTS
ESTUDI I ANÀLISI COMPARATIVA DE LES MATRIUS DE COASCENDÈNCIA MOLECULAR I GENEALÒGICA ENTRE INDIVIDUS REPRODUCTORS DE LA RAÇA ASININA CATALANA: RECOMANACIONS ALS CRIADORS PER AL PROGRAMA DE CONSERVACIÓ



Unitat de Ciència Animal
Departament de Ciència Animal i dels Aliments
Facultat de Veterinària (U.A.B.)

Informe elaborat pel:
Dr. Jordi Jordana Vidal
Col·laboradors: Ainhoa Ferrando i Maria Casas
Bellaterra, desembre de 2009

PROGRAMACIÓN ÓPTIMA DE APAREAMIENTOS

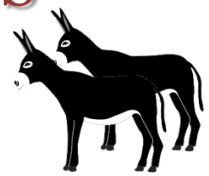


Generalitat de Catalunya
Departament d'Agricultura, Alimentació i Acció Rural



A.F.R.A.C.

UAB
Universitat Autònoma de Barcelona



Nom de la somera	Aparellaments més favorables Grup 1 i 2	Aparellaments més desfavorables, Grup 4	
Estrella-V	16 mascles: grup 1 13 mascles: grup 2 Per exemple: Llevant, Pinxo, Ilusion, Camaron, Crack-II, ...	Maluc Barricalde Vent Xulo-II	
Estrella-VI	26 mascles: grup 1 3 mascles: grup 2 Per exemple: Llevant, Pinxo, Ilusion, Camaron, Crack-II, ...	Barricalde Xulo-II Vent Maluc	
Fletxa	23 mascles: grup 1 9 mascles: grup 2 Per exemple: Llevant, Pinxo, Ilusion, Camaron, Crack-II, ...	Mariscal Elegant Brandi Xut Pigot	Pardal Espai Carlet Sam 11 altres mascles
Flor-del-92	22 mascles: grup 1 7 mascles: grup 2 Per exemple: Llevant, Pinxo, Ilusion, Camaron, Crack-II, ...	Miquelet Pinxu-II Tot Llampet Xaloc	Tot-lleial Oriol Noble Kali Desitjat
Frida	33 mascles: grup 1 Per exemple: Llevant, Pinxo, Ilusion, Camaron, Crack-II, ...		
Furra	26 mascles: grup 1 6 mascles: grup 2 Per exemple: Llevant, Pinxo, Ilusion, Camaron, Crack-II, ...	Espai Elegant Brandi Xut Pardal	Mariscal Gentil Ferm Carlet 8 altres mascles
Garrotxa	26 mascles: grup 1 2 mascles: grup 2 Per exemple: Llevant, Pinxo, Ilusion, Camaron, Crack-II, ...	Miracle Catala Jeroni	
Gilda	29 mascles: grup 1 1 mascle: grup 2 Per exemple: Llevant, Pinxo, Ilusion, Camaron, Crack-II, ...	Vigata-III Manyac Garrotxí	
Ginesta	23 mascles: grup 1 10 mascles: grup 2 Per exemple: Llevant, Pinxo, Ilusion, Camaron, Crack-II, ...	Carlet Pardal Mariscal Xut Xim	Jou Sam Elegant Brandi 8 altres mascles

(continua)

SNP (chip ovino)



- **Control de paternidades**
- **Chip de 48 SNP (≈ 60)**
- **Razas ovinas: Xisqueta, Ripollesa y Aranesa**

ANÁLISIS Y SELECCIÓN DE SNPs PARA LA CREACIÓN DE UN CHIP COMÚN DE 48 SNPs DESTINADO AL CONTROL DE PATERNIDADES EN RAZAS OVINAS CATALANAS

UAB Universitat Autònoma de Barcelona

Ferrando, A., Casellas, J., Jordana, J.

Departament de Ciència Animal i dels Aliments. Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. 08193-Bellaterra, Barcelona, Spain.

INTRODUCCIÓN

La correcta gestión de los Libros Genealógicos de las razas implica un control adecuado de las filiaciones de los animales registrados. Algunos métodos pueden resultar demasiado costosos en animales de producción con una elevada tasa de reposición y un limitado margen de venta.

En este estudio se ha valorado la utilidad de 96 marcadores SNPs descritos en ovino para crear un chip de 48 SNPs, destinado al control de paternidades en las tres razas ovinas autóctonas catalanas: Aranesa, Ripollesa y Xisqueta.


Aranesa




Xisqueta


Ripollesa

MATERIAL Y MÉTODOS

- Los 96 SNP analizados fueron seleccionados por su distribución en el genoma y por los valores de frecuencia del alelo minoritario (MAF) en otras razas, según datos de *The International Sheep Genomics Consortium* (ISGC, 2010).
- Se analizó el genotipo de 470 machos reproductores de las razas ovinas catalanas: Aranesa (N=77), Ripollesa (N=197) y Xisqueta (N=196).
- El genotipado fue realizado con la plataforma BeadXpress® System de la compañía Illumina (San Diego, CA, EEUU).
- Los valores de MAF y las probabilidades de exclusión de un progenitor candidato, incluyendo o no información del otro progenitor, fueron calculados con el programa GenAlEx v.6 (Peakall & Smouse, 2006).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se obtuvo el genotipo de 470 individuos para 94 de los 96 SNPs analizados. Los valores de MAF, dentro de raza, oscilaron entre 0.182 y 0.500 (Figura 1).

De estos 94 SNPs, se seleccionaron 48 SNP repartidos en los 26 cromosomas autosómicos (Tabla 1) y con una MAF que osciló, dentro de raza, entre 0.201 y 0.500, con una media superior a 0.400 en las tres.

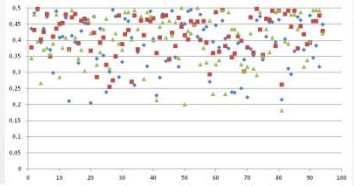


Figura 1. Frecuencia del alelo minoritario (MAF) para los 94 SNPs bialélicos genotipados en las tres razas.

Tabla 1. Lista de los 48 SNPs seleccionados para el chip de paternidades. La localización y posición cromosómica se ha extraído de la primera versión del genoma virtual ovino.

Locus (SNP)	Cromosoma	Posición estimada (Mb)	MAF más baja dentro de raza
OAR351298	1	74.1	0.234
OAR463771	1	188.2	0.418
OAR364451	1	261.7	0.286
OAR247686	2	23.6	0.447
OAR492516	2	67.3	0.434
OAR438072	2	117.5	0.409
OAR480434	2	202.3	0.403
OAR470132	2	246.3	0.276
OAR200069	3	17.9	0.422
OAR225323	3	96.6	0.320
CL635241	3	195.5	0.424
OAR301854	4	25.0	0.234
OAR370089	4	111.5	0.338
OAR245849	5	16.3	0.441
OAR407749	5	80.1	0.370
OAR325267	6	3.8	0.201
OAR385524	6	90.9	0.436
OAR260026	7	1.3	0.318
OAR364675	7	41.8	0.364
C2920950	7	81.5	0.459
OAR213735	8	6.9	0.377
OAR492158	8	95.6	0.375
OAR329154	9	5.4	0.377
OAR388321	9	92.8	0.279
OAR328870	10	17.6	0.304
OAR458238	10	92.6	0.363
OAR232778	11	34.6	0.431
OAR528988	12	3.6	0.414
OAR310703	12	82.4	0.462
OAR452456	13	56.5	0.345
OAR223894	14	62.4	0.377
OAR414375	15	25.0	0.305
OAR372397	15	82.7	0.411
OAR529574	16	39.7	0.416
OAR206327	17	16.0	0.393
OAR463532	17	60.5	0.312
OAR325612	18	26.3	0.333
OAR459528	19	2.2	0.335
OAR298844	19	49.2	0.383
OAR216457	20	5.8	0.348
OAR492723	20	52.2	0.325
OAR380983	21	31.5	0.237
OAR413994	22	5.8	0.292
OAR258149	23	55.9	0.444
OAR452167	24	22.4	0.391
OAR322055	25	2.1	0.455
OAR515326	26	14.7	0.462
OAR231535	n.d.	n.d.	0.373

La probabilidad de exclusión de una falsa paternidad fue superior al 99% en las tres razas, combinando estos 48 SNPs y asumiendo apareamientos aleatorios dentro de cada raza (Figura 2b).

Dicho valor se alcanza sensiblemente antes cuando se dispone del genotipo del segundo progenitor (Figura 2 a).

El chip diseñado, está siendo utilizado actualmente en el control de filiaciones para la reposición de las razas Ripollesa y Xisqueta, inscrita en los Libros Genealógicos.

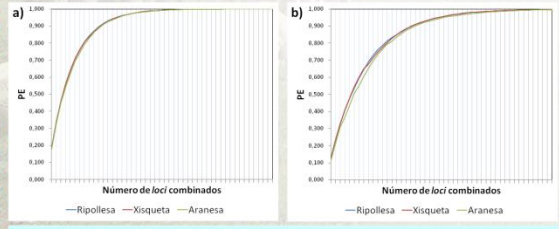


Figura 2. a) Probabilidad de exclusión (PE) disponiendo del genotipo del segundo progenitor, y b) sin disponer de él, para cada combinación creciente de 1 a 48 *loci*.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Peakall, R., Smouse, P.E. (2006). *Molecular Ecology Notes*. 6, 288-295.
- The International Sheep Genomics Consortium, Archibald, A.L., Cockett, N.E., Dalrymple, B.P., faraut, T., Kijas, J.W., Maddox, J.F., McEwan, J.C., Hutton Oddy, V., Raadsma, H.W., Wade, C., Wang, J., Wang, W., Xun, X. (2010). *Animal Genetics*, 41 : 449-453.

AGRADECIMIENTOS

Agradecemos el soporte recibido por parte del *Departament d'Agricultura, Ramaderia, Pesca, Alimentació i Medi Natural* (DAAM) de la Generalitat de Catalunya, para la realización de este trabajo.

MARCADORES GENÉTICOS (ADN)

2.- Se ha realizado un estudio genético de la raza (población muestral), estructurada en subpoblaciones (valles, pueblos, explotaciones,...)

ADN (marcadores) → **Coascendencia Molecular entre subpoblaciones**

Associació Catalana de Criadors d'Ovi de Raça Xisqueta

Ovella Xisqueta
raça autòctona de L'Alt Pirineu

EJEMPLO: *RAZA OVINA XISQUETA*

(MUNICIPIOS)









COMARCAS

- Pallars Sobirà
- Pallars Jussà
- Alta Ribagorça
- Ribagorza



SUBPOBLACIONES

1. Claret
2. Les Esglèsies
3. La Vall Fosca
4. Isona
5. La Pobla de Segur
6. La Torre de Tamúrcia
7. La Vall de Boí
8. El Pont de Suert
9. Senet
10. La Vall d'Àssua
11. Esterri d'Àneu
12. La Vall Farrera
13. Sort
14. Valle del Isábena



Tabla 1. Coascendencia media de todos los individuos dentro de subpoblación y comarca (f_{ii}) y con toda la raza (f), heterocigosis esperada (H_E), riqueza alélica (r.a.) y contribución (en porcentaje) a la diversidad total, calculado según la diversidad génica de Nei y la rarefacción de la riqueza alélica

Comarca *(cursiva)* Subpoblación	N	f_{ii}	f	H_E	r.a.[1]	GD_T	C_T
Alta Ribagorça							
Pont de Suert	43	0,242	0,233	0,76	9,4	-0,05	+0,39
Senet	41	0,245	0,232	0,75	8,9	-0,06	+0,31
					8,4	+0,07	-0,15
Claret	37	0,265	0,242	0,74	8,1	+0,10	-0,11
Esglèsies							
Isona							
Pobla de Segur	55	0,242	0,234	0,76	9,2	-0,05	+0,21
Torre de Tamúrcia	49	0,244	0,231	0,76	8,8	-0,10	+0,47
					8,6	-0,02	+0,18
Esterri d'Àneu	38	0,243	0,224	0,76	8,3	-0,21	-0,06
Sort	57	0,246	0,233	0,75	8,6	-0,06	-0,10
Vall d'Àssua	57	0,250	0,236	0,75	8,6	+0,01	-0,18
Vall Ferrera	37	0,276	0,241	0,72	8	+0,09	-0,17
Ribagorza							
Isàbena	37	0,256	0,234	0,74	8,5	-0,03	+0,32
Alta Ribagorça	123	0,239	0,235	0,76	9,3	-0,05	+0,66
Pallars Jussà	270	0,239	0,236	0,76	9,2	+0,10	+0,74
Pallars Sobirà	189	0,236	0,234	0,76	8,9	-0,25	-0,60
Ribagorza	37	0,256	0,234	0,74	8,5	-0,03	+0,32

MUNICIPIOS

COMARCAS

Parámetros de Diversidad Genética

Coeficientes de Coascendencia media

Contribución a la Diversidad Global

[1], calculado para un tamaño muestral de 35 individuos.

N, número de muestras por población; GD_T, contribución a la diversidad génica (de Nei) total; C_T, contribución a la riqueza alélica total. Los signos indican, por un lado, una pérdida (–) o ganancia (+) de diversidad génica si desapareciera la subpoblación, y por otro, una contribución positiva (+) o negativa (–) de dicha subpoblación a la riqueza alélica de la raza.

FERRANDO A., AVELLANET R., CASAS M. y JORDANA J. (2010). Coascendencia molecular para la programación de apareamientos y pérdidas de diversidad en ovino Xisqueta. XI Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos, João Pessoa (Brasil). *Memorias, 125-128.*





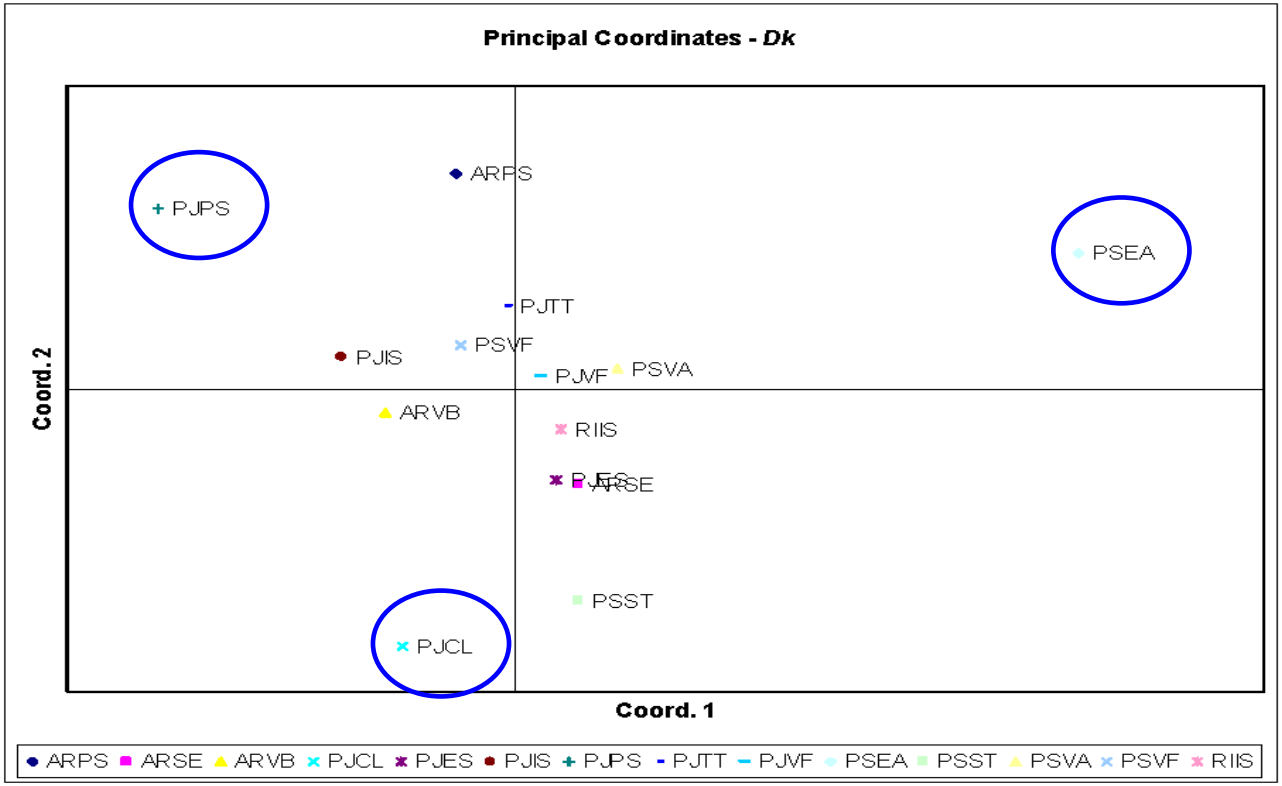
Tabla 4. Coascendencia molecular *f* entre subpoblaciones (debajo de la diagonal) y distancia D_k (sobre la diagonal) por pares de subpoblaciones.

Subpoblación	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
Pont de Suert (1)		0,409	0,412	0,414	0,410	0,411	0,417	0,409	0,402	0,420	0,417	0,404	0,402	0,400
Senet (2)	0,228		0,405	0,403	0,398	0,406	0,413	0,401	0,395	0,411	0,406	0,398	0,399	0,391
Vall de Boí (3)	0,238	0,238		0,409	0,405	0,410	0,415	0,406	0,402	0,421	0,415	0,404	0,405	0,401
Claret (4)	0,238	0,240	0,248		0,403	0,408	0,416	0,410	0,399	0,422	0,408	0,403	0,399	0,395
Esglésies (5)	0,236	0,240	0,246	0,249		0,404	0,411	0,404	0,393	0,410	0,405	0,400	0,399	0,396
Isona (6)	0,233	0,230	0,239	0,242	0,241		0,410	0,405	0,397	0,419	0,410	0,404	0,395	0,400
Pobla de Segur (7)	0,232	0,228	0,239	0,239	0,239	0,237		0,412	0,402	0,427	0,416	0,407	0,403	0,407
Torre de Tamúrcia (8)	0,229	0,228	0,237	0,234	0,235	0,231	0,229		0,394	0,414	0,411	0,398	0,396	0,395
Vall Fosca (9)	0,230	0,230	0,235	0,239	0,240	0,233	0,233	0,230		0,403	0,397	0,388	0,384	0,390
Esterri d'Àneu (10)	0,220	0,221	0,224	0,224	0,230	0,220	0,215	0,218	0,223		0,417	0,404	0,408	0,405
Sort (11)	0,227	0,230	0,234	0,241	0,240	0,233	0,231	0,225	0,234	0,221		0,401	0,403	0,400
Vall d'Àssua (12)	0,233	0,232	0,239	0,240	0,238	0,232	0,233	0,231	0,236	0,227	0,234		0,394	0,387
Vall Ferrera (13)	0,239	0,233	0,241	0,247	0,243	0,245	0,241	0,237	0,243	0,226	0,236	0,238		0,389
Valle del Isàbena (14)	0,232	0,233	0,236	0,243	0,237	0,230	0,228	0,229	0,228	0,220	0,231	0,236	0,237	





Figura 3. Gràfica de l'anàlisi de coordenades principals realitzada a partir de la matriu de distàncies D_k entre subpoblacions. Veure el significat dels codis en la llegenda de la Figura 1.



MARCADORES GENÉTICOS (ADN)

2.- Se ha realizado un estudio genético de la raza (población muestral), estructurada en subpoblaciones (valles, pueblos, explotaciones,...)

ADN (marcadores) → **Coascendencia Molecular entre subpoblaciones**

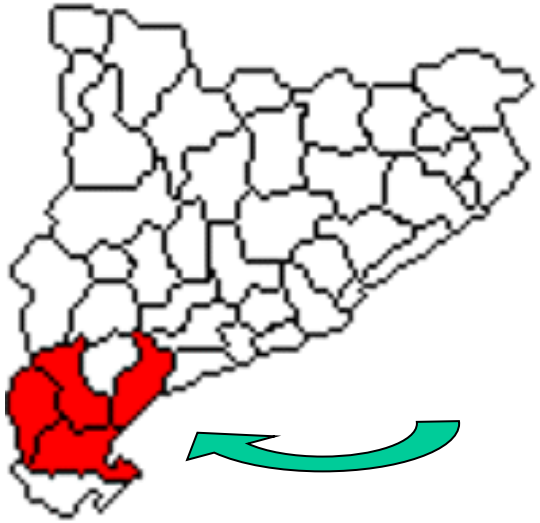


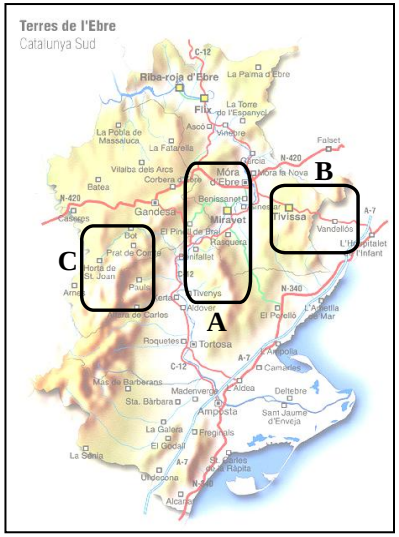
EJEMPLO: *CABRA BLANCA DE RASQUERA*

(REBAÑOS)









REBAÑOS

Zona de pastura i codi del ramat	Localitat	Nombre d'individus analitzats per ramat	Comarca
Zona A			
A1	Rasquera	16	Ribera d'Ebre
A2	Rasquera	18	Ribera d'Ebre
A3	Rasquera	18	Ribera d'Ebre
A4	Tivenys	30	Baix Ebre
Zona B			
B1	Tivissa	23	Ribera d'Ebre
B2	Tivissa	10	Ribera d'Ebre
B3	Tivissa	17	Ribera d'Ebre
B4	Vandellòs	16	Baix Camp
B5	Vandellòs	24	Baix Camp
Zona C			
C1	Horta de St. Joan	40	Terra Alta
C2	Bot – Prat de Comte	21	Alt Camp





Annex I. Coascendència molecular *f* entre ramats (sota la diagonal) i distància D_k entre ramats (sobre la diagonal).

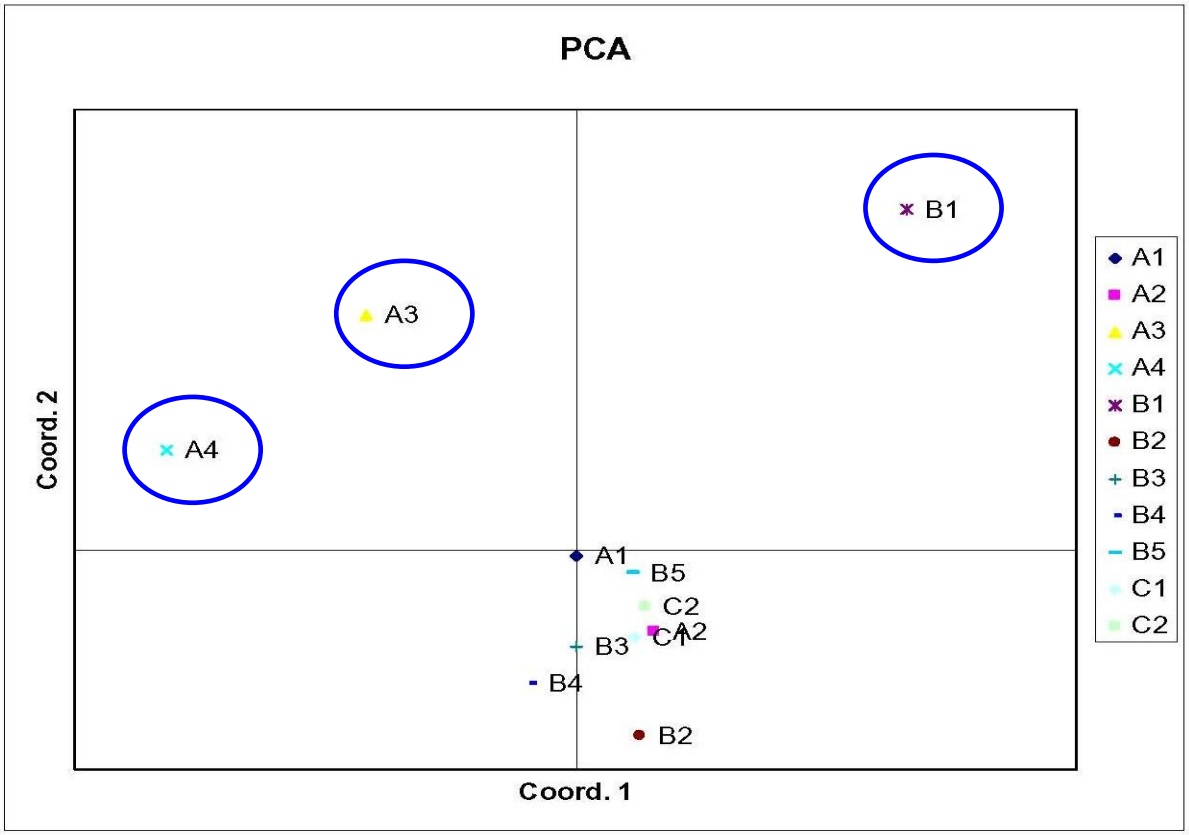
Ramat	A1	A2	A3	A4	B1	B2	B3	B4	B5	C1	C2
A1	---	0,389	0,389	0,390	0,404	0,373	0,379	0,387	0,382	0,393	0,364
A2	0,260	---	0,385	0,389	0,400	0,370	0,360	0,390	0,380	0,383	0,345
A3	0,254	0,252	---	0,381	0,405	0,383	0,373	0,389	0,387	0,396	0,372
A4	0,249	0,244	0,246	---	0,412	0,382	0,369	0,387	0,383	0,390	0,379
B1	0,249	0,247	0,237	0,226	---	0,395	0,388	0,414	0,393	0,403	0,380
B2	0,268	0,265	0,247	0,243	0,245	---	0,350	0,368	0,365	0,376	0,356
B2	0,258	0,272	0,253	0,253	0,248	0,274	---	0,370	0,363	0,376	0,347
B4	0,274	0,265	0,261	0,258	0,246	0,280	0,274	---	0,381	0,384	0,355
B5	0,266	0,262	0,250	0,250	0,254	0,270	0,268	0,274	---	0,386	0,363
C1	0,262	0,265	0,247	0,249	0,251	0,266	0,262	0,278	0,263	---	0,358
C2	0,301	0,314	0,282	0,271	0,284	0,295	0,301	0,317	0,295	0,307	---

(El rebaño B1 presenta bajos valores de riqueza alélica)



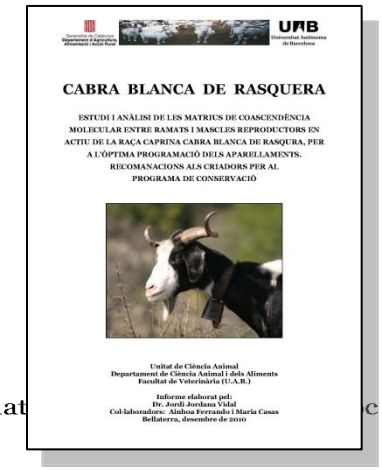


Figura 1. Gràfica de l'anàlisi de coordenades principals realitzada a partir de la matriu de coascendència molecular (però transformant les dades en $1 - f_{ij}$) entre ramats. S'indica el codi de cada ramat en la llegenda situada a la dreta de la gràfica. Els eixos 1 i 2 expliquen el 17,2% i el 17% de la variació total, respectivament.





- 11 rebaños CBR
- 55 machos en activo (2010)



Taula 3: Coascendència molecular mitjana de cadascun dels mascles reproductors actius amb els 11 ramat[illegible]c es ressalta el valor amb el seu propi ramat.

Ramat	Codi Laboratorial dels mascles	Ramat* A1	A2	A3	A4	B1	B2	B3	B4	B5	C1	C2
A1	RAS296	**0,236**	0,266	0,249	0,253	0,245	0,259	0,276	0,270	0,262	0,263	0,258
A1	RAS297	**0,299**	0,264	0,244	0,246	0,240	0,236	0,258	0,253	0,262	0,268	0,284
A1	RAS298	**0,245**	0,314	0,221	0,244	0,253	0,290	0,260	0,277	0,287	0,268	0,278
A1	RAS299	**0,356**	0,320	0,246	0,261	0,275	0,310	0,288	0,297	0,300	0,309	0,349
A1	RAS300	**0,352**	0,326	0,269	0,271	0,318	0,305	0,288	0,294	0,320	0,306	0,362
A1	RAS301	**0,379**	0,321	0,273	0,283	0,310	0,317	0,313	0,310	0,307	0,320	0,371
A1	RAS302	**0,265**	0,284	0,253	0,243	0,265	0,266	0,277	0,276	0,267	0,285	0,308
A3	RAS265	0,266	0,198	**0,235**	0,219	0,186	0,210	0,202	0,219	0,185	0,214	0,221
A3	RAS266	0,256	0,302	**0,274**	0,257	0,232	0,242	0,284	0,273	0,248	0,265	0,301
A3	RAS267	0,301	0,337	**0,304**	0,261	0,261	0,298	0,272	0,307	0,274	0,312	0,371
A3	RAS268	0,260	0,330	**0,284**	0,270	0,280	0,272	0,314	0,280	0,287	0,291	0,321
A3	RAS269	0,333	0,289	**0,330**	0,295	0,242	0,336	0,303	0,361	0,284	0,313	0,366
A3	RAS270	0,273	0,261	**0,261**	0,227	0,269	0,220	0,240	0,211	0,213	0,225	0,297
A3	RAS271	0,244	0,267	**0,256**	0,258	0,243	0,238	0,250	0,232	0,231	0,246	0,294
A4	RAS261	0,275	0,299	0,296	**0,322**	0,253	0,270	0,299	0,307	0,293	0,275	0,304
A4	RAS263	0,250	0,239	0,224	**0,240**	0,217	0,214	0,214	0,245	0,223	0,233	0,255
A4	RAS264	0,323	0,300	0,252	**0,309**	0,239	0,282	0,260	0,305	0,283	0,295	0,336
B1	RAS303	0,267	0,215	0,228	0,224	**0,297**	0,208	0,197	0,219	0,260	0,222	0,203
B1	RAS304	0,301	0,361	0,285	0,280	**0,327**	0,302	0,323	0,310	0,301	0,316	0,383
B1	RAS305	0,306	0,296	0,268	0,259	**0,260**	0,289	0,264	0,296	0,265	0,283	0,350
B1	RAS306	0,255	0,215	0,207	0,191	**0,291**	0,254	0,244	0,216	0,232	0,232	0,257
B1	RAS307	0,221	0,213	0,194	0,187	**0,267**	0,210	0,208	0,214	0,234	0,189	0,216
B1	RAS308	0,294	0,208	0,229	0,229	**0,297**	0,240	0,237	0,208	0,259	0,218	0,212
B1	RAS309	0,254	0,272	0,214	0,198	**0,313**	0,255	0,246	0,247	0,256	0,235	0,298
B2	RAS253	0,304	0,261	0,255	0,253	0,269	**0,281**	0,268	0,285	0,281	0,254	0,297
B2	RAS254	0,277	0,252	0,247	0,258	0,228	**0,297**	0,271	0,277	0,266	0,281	0,288
B2	RAS256	0,291	0,278	0,255	0,249	0,263	**0,294**	0,286	0,260	0,305	0,251	0,300
B2	RAS257	0,304	0,302	0,267	0,253	0,275	**0,300**	0,309	0,314	0,334	0,299	0,341
B2	RAS258	0,294	0,309	0,257	0,277	0,269	**0,284**	0,267	0,280	0,275	0,291	0,315
B2	RAS260	0,300	0,251	0,234	0,249	0,249	**0,270**	0,254	0,285	0,266	0,249	0,264

*, ramats sense incloure els mascles reproductors analitzats en aquest estudi.

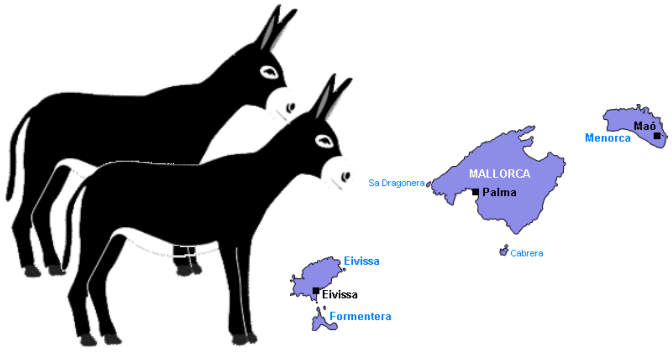
... /...

PROGRAMAS DE CONSERVACIÓN «*EX SITU*»

La Coascendencia Molecular como herramienta para seleccionar reproductores para los Bancos de Germoplasma

- **Raza asnal Catalana**
- **Raza asnal Balear**
- **Raza asnal Majorera**
- **Raza ovina Xisqueta**
- **Raza ovina Aranesa**
- **Raza caprina Blanca de Rasquera**

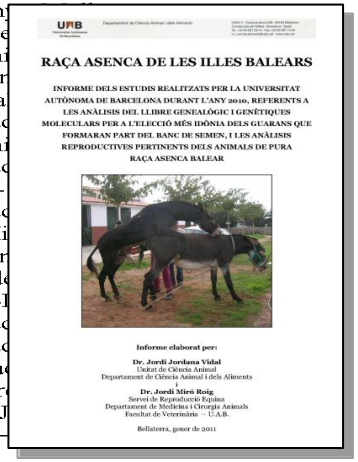






Taula 2. Coascendència molecular i genealògica dels 35 guarans amb el conjunt de la població reproductora (N.D. dada no disponible)

Nom de l'animal	Coascendència molecular (f_m) mitjana amb tots els reproductors	Coascendència genealògica (f_g) mitjana amb tots els reproductors	Localitat d'origen - Illa
Artista d'Alputzer Nou	0,279	0,006	Ciutadella - Menorca
Bernat	0,345	0,006	Manacor - Mallorca
Blau d'Es Pas	0,299	0,019	Llucmajor - Mallorca
Caparrut de Son Pax	0,306	0,027	Valldemossa - Mallorca
Dito des Rafal Nou	N.D.	0,002	Ciutadella - Menorca
Drac-S	N.D.	0,040	Valldemossa - Mallorca
Duc de Bellveure	0,387	0,008	Binissalem - Mallorca
En Quart de Son Marc	0,316	0,006	Pollença - Mallorca
Estornell de Son Amonda	0,341	0,020	Inca - Mallorca
Fonzy de les Rotes de Ca'n Sucrer	0,323	0,011	Pollença - Mallorca
Galatzó de Sa Corona	0,285	0,013	Montuïri - Mallorca
Garrit de Son Amonda	0,335	0,013	Inca - Mallorca
Golfo M.A	0,307	0,012	Felanitx - Mallorca
Gorg de Bellveure	0,312	0,008	Binissalem - Mallorca
Jimi d'Albranxella	0,324	0,005	Es Migjorn Gran - Menorca
Mateu de Can Bet	0,307	0,019	Felanitx - Mallorca
Menut de Son Bachs	0,312	0,002	Arian
Miguelito de Ca'n Trobat	0,302	0,002	Capde
Mondragó M.A	0,285	0,010	Felani
Mont de Sa Corona	N.D.	0,007	Poller
Mortitx de Can Frau	0,330	0,008	Forna
Negret de Ses Truqueries	0,321	0,002	Ciutad
Orellut M.A.	0,286	0,011	Felani
Pelayo de Sant Joan Gran	0,287	0,002	Ciutad
Pelut de Ca'n Vey	N.D.	0,002	Inca -
Príncipe d'El Pare	0,313	0,002	Ciutad
Roberto d'Albranxella	0,320	0,005	Es Mi
Romaní de Cala Murta	0,353	0,002	Poller
Sam de Son Pax	N.D.	0,023	Vallde
Sílver des Boveret	0,321	0,002	Maó-I
Truc d'El Pare	0,336	0,002	Ciutad
Tumbet d'Alputzer Nou	0,301	0,007	Ciutad
Urbà-CS	0,332	0,003	Manac
Valent de Cúber	0,367	0,005	Escor
Xorc des Calderers	N.D.	0,010	Sant J
Valor mig	**0,318**	**0,009**	



UAB Universitat Autònoma de Barcelona — Departament de Ciència Animal i dels Aliments

RAÇA ASENCA DE LES ILLES BALEARS

INFORME DELS ESTUDIS REALITZATS PER LA UNIVERSITAT AUTÒNOMA DE BARCELONA DURANT L'ANY 2010, REFERENTS A LES ANÀLISIS DEL LLIBRE GENEALÒGIC I GENÈTIQUES MOLECULARS PER A L'ELECCIÓ MÉS IDÒNIA DELS GUARANS QUE FORMARAN PART DEL BANC DE SEMEN, I LES ANÀLISIS REPRODUCTIVES PERTINENTS DELS ANIMALS DE PURA RAÇA ASENCA BALEAR

Informe elaborat per:

Dr. Jordi Jordana Vidal
Unitat de Ciència Animal
Departament de Ciència Animal i dels Aliments

Dr. Jordi Miró Roig
Servei de Reproducció Equina
Departament de Medicina i Cirurgia Animals
Facultat de Veterinària – U.A.B.

Bellaterra, gener de 2011

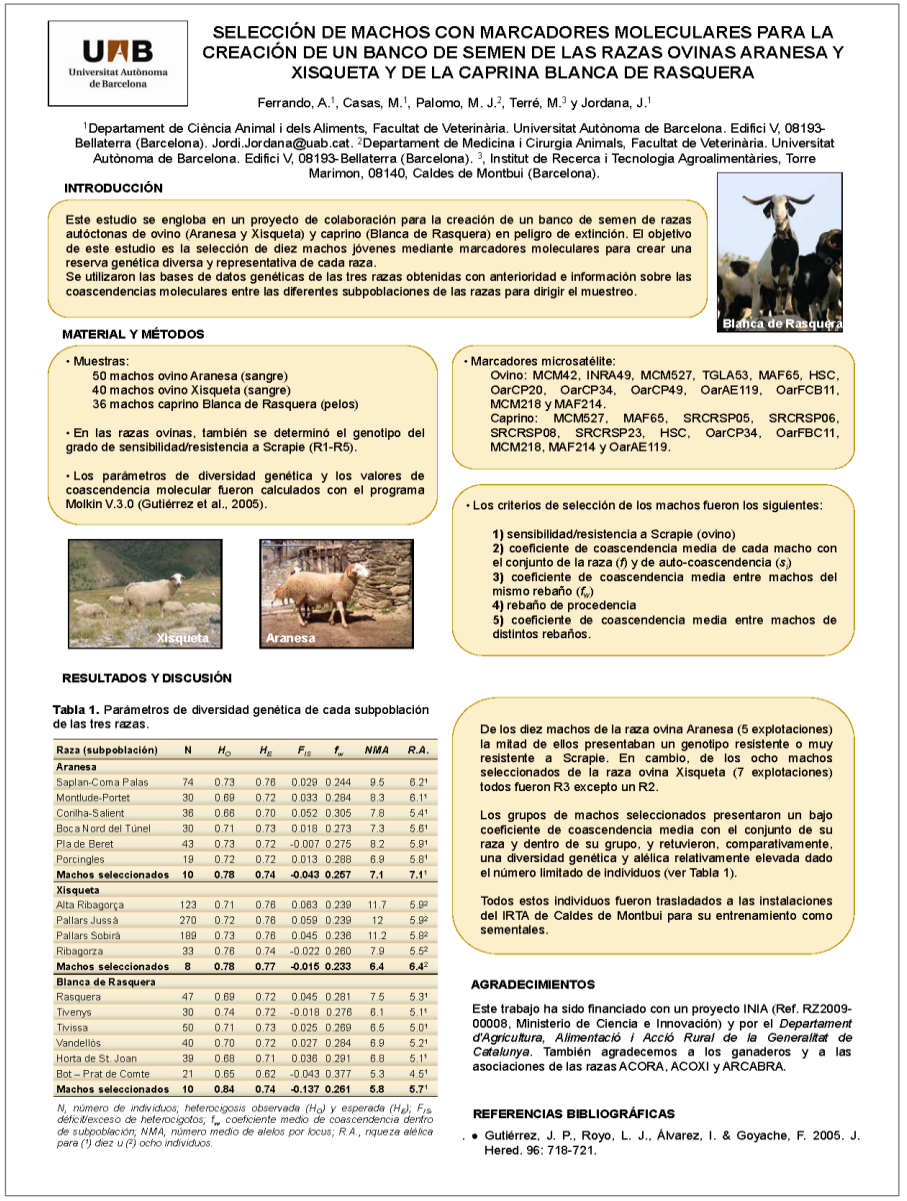
SELECCIÓN DE MACHOS JÓVENES CANDIDATOS AL BANCO DE SEMEN

- **Razas ovinas: Xisqueta y Aranesa**
- **Raza caprina: Blanca de Rasquera**

Tabla 1. Parámetros de diversidad genética de cada subpoblación de las tres razas.

Raza (subpoblación)	N	H_O	H_E	F_{IS}	f_w	NMA	R.A.
Aranesa							
Saplan-Coma Palas	74	0.73	0.76	0.029	0.244	9.5	6.2[1]
Montlude-Portet	30	0.69	0.72	0.033	0.284	8.3	6.1[1]
Corilha-Salient	36	0.66	0.70	0.052	0.305	7.8	5.4[1]
Boca Nord del Túnel	30	0.71	0.73	0.018	0.273	7.3	5.6[1]
Pla de Beret	43	0.73	0.72	-0.007	0.275	8.2	5.9[1]
Porcingles	19	0.72	0.72	0.013	0.288	6.9	5.8[1]
Machos seleccionados	**10**	**0.78**	**0.74**	**-0.043**	**0.257**	**7.1**	**7.1[1]**
Xisqueta							
Alta Ribagorça	123	0.71	0.76	0.063	0.239	11.7	5.9[2]
Pallars Jussà	270	0.72	0.76	0.059	0.239	12	5.9[2]
Pallars Sobirà	189	0.73	0.76	0.045	0.236	11.2	5.8[2]
Ribagorza	33	0.76	0.74	-0.022	0.260	7.9	5.5[2]
Machos seleccionados	**8**	**0.78**	**0.77**	**-0.015**	**0.233**	**6.4**	**6.4[2]**
Blanca de Rasquera							
Rasquera	47	0.69	0.72	0.045	0.281	7.5	5.3[1]
Tivenys	30	0.74	0.72	-0.018	0.276	6.1	5.1[1]
Tivissa	50	0.71	0.73	0.025	0.269	6.5	5.0[1]
Vandellòs	40	0.70	0.72	0.027	0.284	6.9	5.2[1]
Horta de St. Joan	39	0.68	0.71	0.036	0.291	6.8	5.1[1]
Bot – Prat de Comte	21	0.65	0.62	-0.043	0.377	5.3	4.5[1]
Machos seleccionados	**10**	**0.84**	**0.74**	**-0.137**	**0.261**	**5.8**	**5.7[1]**

N, número de individuos; heterocigosis observada (H_O) y esperada (H_E); F_{IS}, déficit/exceso de heterocigotos; f_w, coeficiente medio de coascendencia dentro de subpoblación; NMA, número medio de alelos por locus; R.A., riqueza alélica para (1) diez u (2) ocho individuos.



UAB Universitat Autònoma de Barcelona

SELECCIÓN DE MACHOS CON MARCADORES MOLECULARES PARA LA CREACIÓN DE UN BANCO DE SEMEN DE LAS RAZAS OVINAS ARANESA Y XISQUETA Y DE LA CAPRINA BLANCA DE RASQUERA

Ferrando, A.[1], Casas, M.[1], Palomo, M. J.[2], Terré, M.[3] y Jordana, J.[1]

[1]Departament de Ciència Animal i dels Aliments, Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. Edifici V, 08193-Bellaterra (Barcelona). Jordi.Jordana@uab.cat. [2]Departament de Medicina i Cirurgia Animals, Facultat de Veterinària. Universitat Autònoma de Barcelona. Edifici V, 08193-Bellaterra (Barcelona). [3], Institut de Recerca i Tecnologia Agroalimentàries, Torre Marimon, 08140, Caldes de Montbui (Barcelona).

INTRODUCCIÓN

Este estudio se engloba en un proyecto de colaboración para la creación de un banco de semen de razas autóctonas de ovino (Aranesa y Xisqueta) y caprino (Blanca de Rasquera) en peligro de extinción. El objetivo de este estudio es la selección de diez machos jóvenes mediante marcadores moleculares para crear una reserva genética diversa y representativa de cada raza.
Se utilizaron las bases de datos genéticas de las tres razas obtenidas con anterioridad e información sobre las coascendencias moleculares entre las diferentes subpoblaciones de las razas para dirigir el muestreo.

Blanca de Rasquera

MATERIAL Y MÉTODOS

- Muestras:
  - 50 machos ovino Aranesa (sangre)
  - 40 machos ovino Xisqueta (sangre)
  - 36 machos caprino Blanca de Rasquera (pelos)
- En las razas ovinas, también se determinó el genotipo del grado de sensibilidad/resistencia a Scrapie (R1-R5).
- Los parámetros de diversidad genética y los valores de coascendencia molecular fueron calculados con el programa Molkin V.3.0 (Gutiérrez et al., 2005).

- Marcadores microsatélite:
  - Ovino: MCM42, INRA49, MCM527, TGLA53, MAF65, HSC, OarCP20, OarCP34, OarCP49, OarAE119, OarFCB11, MCM218 y MAF214.
  - Caprino: MCM527, MAF65, SRCRSP05, SRCRSP06, SRCRSP08, SRCRSP23, HSC, OarCP34, OarFBC11, MCM218, MAF214 y OarAE119.

- Los criterios de selección de los machos fueron los siguientes:
  1) sensibilidad/resistencia a Scrapie (ovino)
  2) coeficiente de coascendencia media de cada macho con el conjunto de la raza (f) y de auto-coascendencia (s_i)
  3) coeficiente de coascendencia media entre machos del mismo rebaño (f_w)
  4) rebaño de procedencia
  5) coeficiente de coascendencia media entre machos de distintos rebaños.

Xisqueta

Aranesa

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Tabla 1. Parámetros de diversidad genética de cada subpoblación de las tres razas.

Raza (subpoblación)	N	H_O	H_E	F_{IS}	f_w	NMA	R.A.
Aranesa							
Saplan-Coma Palas	74	0.73	0.76	0.029	0.244	9.5	6.2[1]
Montlude-Portet	30	0.69	0.72	0.033	0.284	8.3	6.1[1]
Corilha-Salient	36	0.66	0.70	0.052	0.305	7.8	5.4[1]
Boca Nord del Túnel	30	0.71	0.73	0.018	0.273	7.3	5.6[1]
Pla de Beret	43	0.73	0.72	-0.007	0.275	8.2	5.9[1]
Porcingles	19	0.72	0.72	0.013	0.288	6.9	5.8[1]
Machos seleccionados	**10**	**0.78**	**0.74**	**-0.043**	**0.257**	**7.1**	**7.1[1]**
Xisqueta							
Alta Ribagorça	123	0.71	0.76	0.063	0.239	11.7	5.9[2]
Pallars Jussà	270	0.72	0.76	0.059	0.239	12	5.9[2]
Pallars Sobirà	189	0.73	0.76	0.045	0.236	11.2	5.8[2]
Ribagorza	33	0.76	0.74	-0.022	0.260	7.9	5.5[2]
Machos seleccionados	**8**	**0.78**	**0.77**	**-0.015**	**0.233**	**6.4**	**6.4[2]**
Blanca de Rasquera							
Rasquera	47	0.69	0.72	0.045	0.281	7.5	5.3[1]
Tivenys	30	0.74	0.72	-0.018	0.276	6.1	5.1[1]
Tivissa	50	0.71	0.73	0.025	0.269	6.5	5.0[1]
Vandellòs	40	0.70	0.72	0.027	0.284	6.9	5.2[1]
Horta de St. Joan	39	0.68	0.71	0.036	0.291	6.8	5.1[1]
Bot – Prat de Comte	21	0.65	0.62	-0.043	0.377	5.3	4.5[1]
Machos seleccionados	**10**	**0.84**	**0.74**	**-0.137**	**0.261**	**5.8**	**5.7[1]**

N, número de individuos; heterocigosis observada (H_O) y esperada (H_E); F_{IS}, déficit/exceso de heterocigotos; f_w, coeficiente medio de coascendencia dentro de subpoblación; NMA, número medio de alelos por locus; R.A., riqueza alélica para (1) diez u (2) ocho individuos.

De los diez machos de la raza ovina Aranesa (5 explotaciones) la mitad de ellos presentaban un genotipo resistente o muy resistente a Scrapie. En cambio, de los ocho machos seleccionados de la raza ovina Xisqueta (7 explotaciones) todos fueron R3 excepto un R2.

Los grupos de machos seleccionados presentaron un bajo coeficiente de coascendencia media con el conjunto de su raza y dentro de su grupo, y retuvieron, comparativamente, una diversidad genética y alélica relativamente elevada dado el número limitado de individuos (ver Tabla 1).

Todos estos individuos fueron trasladados a las instalaciones del IRTA de Caldes de Montbui para su entrenamiento como sementales.

AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado con un proyecto INIA (Ref. RZ2009-00008, Ministerio de Ciencia e Innovación) y por el *Departament d'Agricultura, Alimentació i Acció Rural de la Generalitat de Catalunya*. También agradecemos a los ganaderos y a las asociaciones de las razas ACORA, ACOXI y ARCABRA.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Gutiérrez, J. P., Royo, L. J., Álvarez, I. & Goyache, F. 2005. J. Hered. 96: 718-721.

FERRANDO A., CASAS M., PALOMO M.J., TERRÉ M. y JORDANA J. (2011). Selección de machos con marcadores moleculares para la creación de un banco de semen de las razas ovinas Aranesa y Xisqueta y de la caprina Blanca de Rasquera. En: XIV Jornadas sobre Producción Animal AIDA. (Edita: Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario). AIDA, Zaragoza. pp: 491-493.

acora
associació de criadors d'ovi de raça aranesa



Taula 2. Coeficient de coascendència molecular mitjana de cada mascle amb el conjunt de la raça, i valors d'auto-coascendència. S'indiquen els mascles seleccionats i la categoria de resistència a Scrapie.

Codi laboratori	Coascendència molecular mitjana amb la raça	Auto-coascendència	Selecció per al programa, i categoria de resistència a l' Scrapie
ARAN400	0,253	0,615	
ARAN401	0,285	0,577	
ARAN402	0,243	0,654	Seleccionat (R1)
ARAN403	0,230	0,577	
ARAN404	0,192	0,615	Seleccionat (R1)
ARAN405	0,294	0,654	
ARAN406	0,208	0,692	Seleccionat (R1)
ARAN407	0,285	0,731	
ARAN408	0,231	0,615	
ARAN409	0,203	0,538	
ARAN410	0,265	0,615	Seleccionat (R1)
ARAN411	0,280	0,615	
ARAN412	0,195	0,654	
ARAN413	0,269	0,654	
ARAN414	0,248	0,654	
ARAN415	0,224	0,615	
ARAN416	0,225	0,577	Seleccionat (R3)
ARAN417	0,303	0,654	
ARAN418	0,260	0,577	
ARAN419	0,232	0,577	
ARAN420	0,235	0,692	Seleccionat (R3)
ARAN421	0,272	0,538	
ARAN422	0,328	0,731	
ARAN423	0,264	0,692	
ARAN424	0,240	0,731	
ARAN425	0,259	0,615	
ARAN426	0,281	0,731	
ARAN427	0,303	0,769	
ARAN428	0,256	0,577	
ARAN429	0,257	0,577	
ARAN430	0,278	0,654	Seleccionat (R3)
ARAN431	0,213	0,618	
ARAN432	0,255	0,615	
ARAN433	0,244	0,731	
ARAN434	0,225	0,577	Seleccionat (R3)
ARAN435	0,292	0,692	
ARAN436	0,260	0,654	
ARAN437	0,229	0,500	
ARAN438	0,245	0,615	
ARAN439	0,204	0,538	Seleccionat (R3)
ARAN440	0,246	0,615	Seleccionat (R2)
ARAN441	0,281	0,692	
ARAN442	0,247	0,654	
ARAN443	0,309	0,615	
ARAN444	0,237	0,692	
ARAN445	0,294	0,692	
ARAN446	0,303	0,615	
ARAN447	0,231	0,615	
ARAN448	0,257	0,615	
ARAN449	0,206	0,615	

Taula 4. Nombre de mostres analitzades (N), heterozigosi observada (H_O) i esperada (H_E), dèficit/excés de heterozigots (F_{IS}), nombre mig d'al·lels per locus (NMA) i riquesa al·lèlica (*a.r.*) calculada per a una mida mostral de 10 individus, per a cada zona estival de pastura analitzada i per al grup de 10 mascles seleccionats per al programa.

Zona estival de pastura	N	H_O	H_E	F_{IS}	NMA	*a.r.*[1]
Saplan-Coma Palas	74	0,73	0,76	0,029	9,5	6,2
Montlude-Portet	30	0,69	0,72	0,033	8,3	6,1
Corilha-Salient	36	0,66	0,70	0,052	7,8	5,4
Boca Nord del Túnel	30	0,71	0,73	0,018	7,3	5,6
Pla de Beret	43	0,73	0,72	-0,007	8,2	5,9
Porcingles	19	0,72	0,72	0,013	6,9	5,8
Mascles seleccionats	10	0,78	0,74	-0,043	7,1	7,1

[1], valor calculat per a 10 individus.

- **Sensibilidad al Scrapie**
- **Coascendencia con el conjunto de la raza**
- **Coascendencia con machos mismo rebaño**
- **Coascendencia con machos de otros rebaños**
- **Rebaños de procedencia representados**
- **Autocoascendencia**

JORNADA SOBRE RAZAS AUTÓCTONAS-CAPV
11 de Noviembre de 2015
Arkauti (Araba)

GESTIÓN GENÉTICA EN LOS PROGRAMAS DE CONSERVACIÓN DE LAS RAZAS AUTÓCTONAS

UAB
Universitat Autònoma de Barcelona



facultat de Veterinària

Dr. JORDI JORDANA

DEPARTAMENTO DE CIENCIA ANIMAL Y DE LOS ALIMENTOS
FACULTAD DE VETERINARIA
UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BARCELONA