

ESTUDIO PRELIMINAR DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE LA RAZA OVINA CHURRA A PARTIR DEL PEDIGRÍ

Pelayo, R., Gutiérrez-Gil, B., Marina, H., de la Fuente, L.F. y Arranz, J.J.
Dpto. de Producción Animal, Universidad de León, Campus de Vegazana s/n, León 24071, España;
rpelg@unileon.es

INTRODUCCIÓN

La raza ovina Churra es autóctona de Castilla y León, destacando en la región por su alta especialización en la producción de leche, aunque actualmente su censo está disminuyendo. Desde el inicio del programa de mejora de esta raza en 1986, el principal objetivo de selección ha sido el aumento del rendimiento lechero, medido en kg de leche producida en un periodo de lactación de 120 días. Las poblaciones sometidas a presión selectiva tienden a cambiar su estructura poblacional a lo largo del tiempo, y estos cambios pueden ser evaluados mediante el estudio del pedigrí (Menezes *et al.*, 2015; Valera *et al.*, 2005). La pérdida de diversidad genética, debida principalmente al aumento de la consanguinidad, es una consecuencia indeseable de la selección, y por ello, a tener en cuenta en los programas de mejora genética (Vozzi *et al.*, 2007). Dado que los estudios a partir del pedigrí en la raza Churra son limitados, el objetivo del presente trabajo fue realizar un análisis preliminar de la estructura de la población y evaluar el nivel de variabilidad genética de la raza ovina Churra a partir de la información genealógica.

MATERIAL Y MÉTODOS

En este estudio se utilizó la información procedente del Libro Genealógico de la raza Churra facilitada por la Asociación Nacional de Criadores de Ganado Ovino Selecto (ANCHE). Partimos de un total de 172.629 animales nacidos entre el año 1955 hasta el 2017. Mediante el programa informático ENDOG_v4.8 (Gutiérrez y Goyache, 2005) se calcularon los siguientes parámetros genéticos poblacionales: nº de generaciones equivalentes (*ge*), coeficiente de consanguinidad (*F*), coeficiente de relación media (*AR*), tamaño efectivo de la población (*Ne*) e intervalo generacional (*IG*).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La profundidad del pedigrí estudiado mostró valores adecuados para el parámetro *ge* (3,86). Este resultado fue muy similar al estimado en la raza ovina Lori-Bakhtiari (3,82) (Vatankhah *et al.*, 2019), pero superior a los descritos en las razas ovinas brasileñas Somalí (Paiva *et al.*, 2011) y Morada Nova (Mcmanus *et al.*, 2019) (*ge*: 1,34 y 1,64, respectivamente). Desde el punto de vista conservacionista interesa que tanto el parámetro *F* como el *AR* de un individuo sean lo más bajos posibles. Los valores medios de *F* (1,54%) y *AR* (0,82%) obtenidos en el presente trabajo fueron superiores a los encontrados en la raza española Segureña (0,6% y 0,06 % respectivamente) (Barros *et al.*, 2017) e inferiores a los encontrados en otras razas extranjeras (Mcmanus *et al.*, 2019). El parámetro *Ne* obtenido en nuestra población fue de 107,43, siendo este valor muy superior al *Ne* mínimo recomendado por la FAO (1998) para cualquier población viva (50 animales por generación). Por último, el *IG* medio estimado en este estudio para la raza Churra (4,11 años) fue superior a los hallados en razas bajo programas de conservación como la oveja Segureña (3,79) (Barros *et al.*, 2017) o la Morada Nova brasileña (3,6) (McManus *et al.*, 2019).

CONCLUSIÓN

El estudio de la estructura de la población de la raza ovina Churra mediante un análisis de pedigrí, mostró una buena calidad y profundidad del mismo, requisito básico para estimar correctamente el coeficiente de consanguinidad, entre otros parámetros poblacionales de interés. Según este trabajo, el programa de cría aplicado en la raza Churra no ha perjudicado de forma sustancial al mantenimiento de su variabilidad genética.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Barros *et al.* 2017. Small Rumin. Res. 149: 128-133.
- Gutiérrez, J.P. & Goyache, F., 2005. J. Anim. Breed. Genet. 122: 172-176.
- FAO, 1998.
- Mcmanus *et al.* 2019. Small Rumin. Res. 170: 37-42.
- Menezes *et al.* 2015. Small Rumin. Res. 131: 85-92.
- Paiva *et al.* 2011. Trop. Anim. Health Prod. 43: 1449-1457.
- Valera *et al.* 2005. Livest. Prod. Sci. 95: 57-66.
- Vatankhah *et al.* 2019. Small Rumin. Res. 174: 148-155.
- Vozzi *et al.* 2007. Genet. Mol. Res. 6: 1044-1050.

Agradecimientos: Nuestro agradecimiento a ANCHE por facilitar los datos genealógicos utilizados en este trabajo.