# ANÁLISIS DE LA INFORMACIÓN GENEALÓGICA Y ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS DE POBLACIONES EN BOVINOS DE LIDIA Y EQUINOS DE PURA RAZA ESPAÑOLA DE MÉXICO

## Analysis of Genealogical Information and Estimation of Populations Parameters in Fighting Cattle and Spanish Purebred Horses of Mexico

***Joel Domínguez-Viveros*, Felipe Alonso Rodríguez-Almeida, Juan Ángel Ortega-Gutiérrez y Eduardo Santellano-Estrada***

*Facultad de Zootecnia y Ecología de la Universidad Autónoma de Chihuahua. Periférico Francisco R. Almada km 1. Chihuahua, Chihuahua, México. CP 31453. Tel: 6144341448. Fax: 6144340345.*
** jodominguez@uach.mx - joeldguezviveros@yahoo.com.mx*

**RESUMEN**

Los objetivos fueron evaluar la integridad del pedigrí y los niveles de consanguinidad, además de estimar parámetros de poblaciones. Se editó la información genealógica del caballo de pura raza española (RCE) y del toro de lidia (RTL) en México y se construyeron dos pedigríes con 65.421 y 61.897 individuos, respectivamente. Se cuantificó el número efectivo de ancestros (NEA), fundadores (NEF) y reproductores (NER), así como el intervalo generacional (ING) en años y el coeficiente de relación promedio (CRP) y la consanguinidad de cada individuo (F). Los análisis se realizaron con los programas para análisis genéticos y estadísticos ENDOG y SAS. En el RCE, más del 90% de la población contiene información de cuatro generaciones de ancestros; el promedio de crías, por semental y por madre, fue de 12,2 y 4,2, respectivamente. En el RTL se observó una importante reducción en el contenido de información de ancestros, siendo más evidente en las líneas a través de las hembras; en la tercera y cuarta generación se observaron contenidos de información genealógica por debajo del 39 y 17%, respectivamente; el promedio de crías por semental y por vaca fue de 9,9 y 1,9, respectivamente. La F promedio fue de 7,3% en ambos pedigrís. En el RTL, el 10,8% de la población fue consanguínea y los niveles de F presentaron una tendencia negativa (-0,76 ± 0,06; P<0,01). En el RCE, la consanguinidad promedio se ha mantenido constante y el 91,7% de la población fue consanguínea. Las estimaciones del NEA, NEF, NER e ING fueron de 19; 26,3; 342 y 10,0 para el RCE y de 1.103; 1.986,7; 67,7 y 8,0 para el RTL. El CRP fluctúo de 0,0016 a 0,6557 en el RTL y en el RCE el promedio fue de 10,2, con estimaciones máximas de 23,5. La reducción de heterocigosis fue de 1,46 y 0,74% en el LGCE y en el RGTL, respectivamente.

**Palabras clave:** Pedigrí, consanguinidad, número efectivo, ancestros, fundadores, intervalo generacional.

**ABSTRACT**

The objectives were to evaluate the integrity of the pedigree and the inbreeding levels, besides estimate population parameters. With the genealogical information of Spanish purebred horses (RCE) and the fighting bull (RTL) of Mexico, two pedigrees were constructed with 65,421 and 61,897 animals, respectively. The effective number of ancestors (NEA), of founders (NEF) and of reproductive (NER) was quantified; as well as the generation interval (ING) in years, and average relatedness coefficient (CRP) and the individual inbreeding coefficient (F). The analyses were designed with the computerized programs ENDOG y SAS. In the RCE, more than 90% of the populations contain genealogical information of four generations of ancestors; the average of progeny, by sire and by dam, was 12.2 and 4.2, respectively. In the RTL an important reduction in the content of information of ancestors was observed, being more evident in the lines through females; in the third and fourth generation the content of genealogical information was under the 39 y 17%; the average of progeny, by sire and by dam was 9.9 and 1.9, respectively. The average of F was 7.3% in both pedigrees. In the RTL the 10.8% of the population was inbred and the levels of inbreeding showed a negative trend (–0.76 ± 0.06; P<0.01). In the RCE, the average F has

Recibido: 15 / 02 / 2012. Aceptado: 20 / 07 / 2012.

remained constant and 91.7% of the population was inbred. In the RCE the estimated of NEA, NEF, NER and ING were 19, 26.3, 342 y 10.0, respectively; as well as of 1,103, 1,986.7, 67.7 y 8.0 for the RTL, respectively. The CRP ranged from 0.0016 to 0.6557 in the RTL, and the RCE the average was 10.2, with maximum estimates of 23.5. The heterozygosis reduction was of 1.46 and 0.74%, in the LGCE and RGTL, respectively.

**Key word:** Pedigree, inbreeding, number effective, ancestors, funders, generation interval.

## INTRODUCCIÓN

La llegada de los equinos (*Equus ferus caballus*) y de los bovinos (*Bos taurus primigenius*) al continente americano, y en específico a México, se remonta al siglo XVI a partir del segundo viaje de Cristóbal Colon, con el arribo de Hernán Cortes al puerto de Veracruz y la expedición de Gregorio de Villalobos a través del río Pánuco [33]. Los primeros caballos que llegaron al continente americano provenían de las caballerizas reales de Córdoba (España). La denominación de "Caballo de Pura Raza Española" (CPRE) fue adoptada en 1912, año en que se creó el Libro Genealógico en España [19]. El Libro Genealógico Mexicano (LGCE) y la Asociación Nacional de Criadores (ANCCE) del CPRE se originan a partir de 1977; actualmente, la ANCCE está integrada por 110 socios distribuidos en 17 Estados de la República Mexicana [27]. Por otro lado, la ganadería de lidia en España se remonta al siglo XV y desciende de siete castas fundacionales [6]. Los orígenes de las ganaderías de lidia en México se remontan a 1529, por la realización del primer festejo taurino del que se tiene noticia documentada y por la fundación de la ganadería de Atenco, en el estado de México, siendo la ganadería más antigua del mundo que aún está en pie [18]. La Asociación Nacional de Criadores de Toros de Lidia (ANCTL) fue fundada en 1930 y actualmente están afiliadas 286 ganaderías distribuidas en 24 Estados de la República Mexicana [3]; sin embargo, el Registro Genealógico de Pureza de Raza y Edad (RGTL) del toro de lidia mexicano fue implementado en el año 2003 [26]. La ANCCE y la ANCTL, en colaboración con el Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios han implementado planes y acciones para el mejoramiento genético con el desarrollo de evaluaciones genéticas en estas poblaciones [25]. Para la implementación de los planes de mejora genética, como paso previo es importante: a) conocer la integridad del pedigrí y la cantidad de información genealógica; b) identificar los niveles de consanguinidad y su comportamiento a través del tiempo, c) estimar los parámetros de poblaciones e identificar los ancestros fundadores; siendo estos los objetivos del presente estudio.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Para estimar la cantidad de información genealógica y la integridad de los pedigrí se editó la base de datos del RGTL, se formó un pedigrí con 61.897 (34,4% machos y 65,6% hembras) individuos nacidos desde 1970 al 2008 en alrededor de 350 ganaderías; del mismo modo, con la información del LGCE se editó un pedigrí con 65.421 (47,9% machos y 52,1% hembras) individuos nacidos desde 1905 al 2009 y procedentes de alrededor de 190 ganaderías. El origen de los individuos en los pedigrís consideró las ganaderías mexicanas que actualmente están funcionando y aquellas que dejaron de funcionar, más las ganaderías españolas, origen de los reproductores exportados a México. Se cuantificó el número de progenitores que dieron origen a la población de estudio así como la integridad de la información genealógica [20], que mide la proporción de ancestros presentes en cada generación. Posteriormente se estimaron los parámetros que definen la constitución y variabilidad genética de las poblaciones, tales como: a) número de fundadores y número efectivo de fundadores, definido como el número de individuos fundadores que, contribuyendo en igual medida, producirían la diversidad genética existente en la población [16]; b) número de ancestros fundadores y número de ancestros que explican el 50% de la variabilidad del pedigrí; así como el número efectivo de ancestros, definido como el número de individuos identificados como ancestros, fundadores o no, necesarios para explicar la variabilidad genética total de la población [2] y c) el intervalo generacional que se derivó a través de cuatro vías: padre-hijo-padre-hija-madre-hijo y madre-hija; definido como la edad media de los padres, a la que sus hijos se convierten en padres (población total), ó la edad media de los padres, a la que sus hijos se convierte en padres de sólo aquellos descendientes destinados a ser seleccionados (población seleccionada) como reemplazos [12, 17].

Para el estudio de la consanguinidad se calculó: a) el número efectivo (Ne) de reproductores y la tasa porcentual de reducción [(1/2Ne)*100] de heterocigosis [9]; b) el coeficiente de relación promedio (CRP) de cada individuo, definido como el porcentaje de representación genética de cada animal en el conjunto de la población [8]; el CRP es el promedio de los coeficientes de coascendencia de cada animal con el resto de los animales de la población [11, 12] y, c) la consanguinidad de cada individuo (F) con el planteamiento propuesto por Meuwissen y Luo [21]. El coeficiente de coascendencia de dos individuos es igual a la consanguinidad de un descendiente de ambos, permite evaluar los incrementos de consanguinidad a través del tiempo y la posible subdivisión de las poblaciones [9]. Los cálculos de la integridad del pedigrí y contenido de información genealógica, así como de los parámetros de poblaciones, los CRP y la F se realizaron con el programa ENDOG v4, 0 [13]; el análisis de los niveles y tendencias de F a través del tiempo se realizó con diversos procedimientos del programa de análisis estadístico SAS [29].

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los progenitores, total de sementales - total de madres, que conformaron la información analizada fueron de 4.879-

26.325 para el RGTL y 5.2214.921 para el LGCE. En el pedigrí del RGTL, alrededor del 20% de la población no tuvo información de algún progenitor; el promedio de crías por semental fue de 9,9, con máximos de 175, asimismo, el promedio de crías por vaca fue de 1,9, con máximos de 14. Con relación al LGCE, alrededor del 4% de la población careció de información de algún progenitor; el promedio y el máximo número de crías, por semental y por madre, fue de 12,2 y 220; 4,2 y 22, respectivamente. En la FIG. 1 se presentan los niveles porcentuales de la información de ancestros contenida en los pedigríes. En el LGCE, más del 90% de la población contiene la información de cuatro generaciones de ancestros (de padres a tatarabuelos). Sin embargo, en el RGTL se observó una importante reducción en el contenido de información de ancestros, siendo más evidente en las líneas a través de las hembras. En la tercera y cuarta generación se observaron porcentajes de información genealógica en niveles por debajo del 39 y 17% (FIG. 1), respectivamente. El LGCE está más completo en el contenido de información de ancestros, lo cual se puede atribuir a dos situaciones: 1) el LGCE tiene más tiempo funcionando y ha acumulado más información genealógica y 2) en los procedimientos de registro, el LGCE exige el contenido de al menos tres generaciones de ancestros, mientras que el RGTL solo exige dos generaciones de ancestros. En estudios similares [4, 31], con poblaciones de equinos de origen común a la del presente estudio, publicaron contenidos de información genealógica de siete generaciones de ancestros en más del 90% de la población. Por otro lado, los niveles de información genealógica obtenidos en el RGTL en las primeras tres generaciones de ancestros (de padres a bisabuelos) son superiores o afines a los reportados por Gutiérrez y col. [12] en los análisis del pedigrí de ocho razas de bovinos nativas de España.

El grado de integridad y contenido del pedigrí permite determinar el nivel de ajuste de todos los cálculos genéticos que requieren el uso de los árboles genealógicos [32]. La estructura del pedigrí y el contenido de información genealógica pueden limitar la implementación de programas de mejoramiento genético con base en evaluaciones genéticas, a través de la metodología del modelo animal y la predicción de valores genéticos. Poca información genealógica limita la conectividad genética a través de hatos [15], con implicaciones en la predicción de valores genéticos y exactitudes [1, 30]; el uso de pedigríes incompletos deriva en una matriz de relaciones genéticas incompleta, afectando la estimación de componentes de varianza [5].

En la población consanguínea, la F promedio fue de 7,3% en ambas poblaciones evaluadas. En el RGTL, el 10,8% de la población total fue consanguínea con niveles máximos de 40,6%; el 5,6% exhibió niveles de F inferiores al 5%; 2,2% estuvo entre el 5 y 10% de F y el resto (2%) presentó niveles de F superiores al 10% (TABLA I); la población consanguínea se originó a partir del año 1985, sin embargo, la consanguinidad promedio a través de los años presentó una reducción de -0,76% 0,06 (P<0,01; FIG. 2). En el LGCE, la consanguinidad promedio se ha mantenido constante a partir del año 1955 (FIG. 2); el 91,7% de la población total fue consanguínea y alrededor del 60% presentó niveles de F superiores al 5% (TABLA I), con máximos de 48,5%. El estudio de la consanguinidad en la producción pecuaria es importante, ya que se asocia con una depresión en el desempeño productivo y reproductivo [9], o puede tener implicaciones en la estimación de parámetros genéticos y en la predicción de valores genéticos [10], sobre todo en poblaciones con altas proporciones de animales consanguíneos y altos niveles de F. Sin embargo, la F no afec-

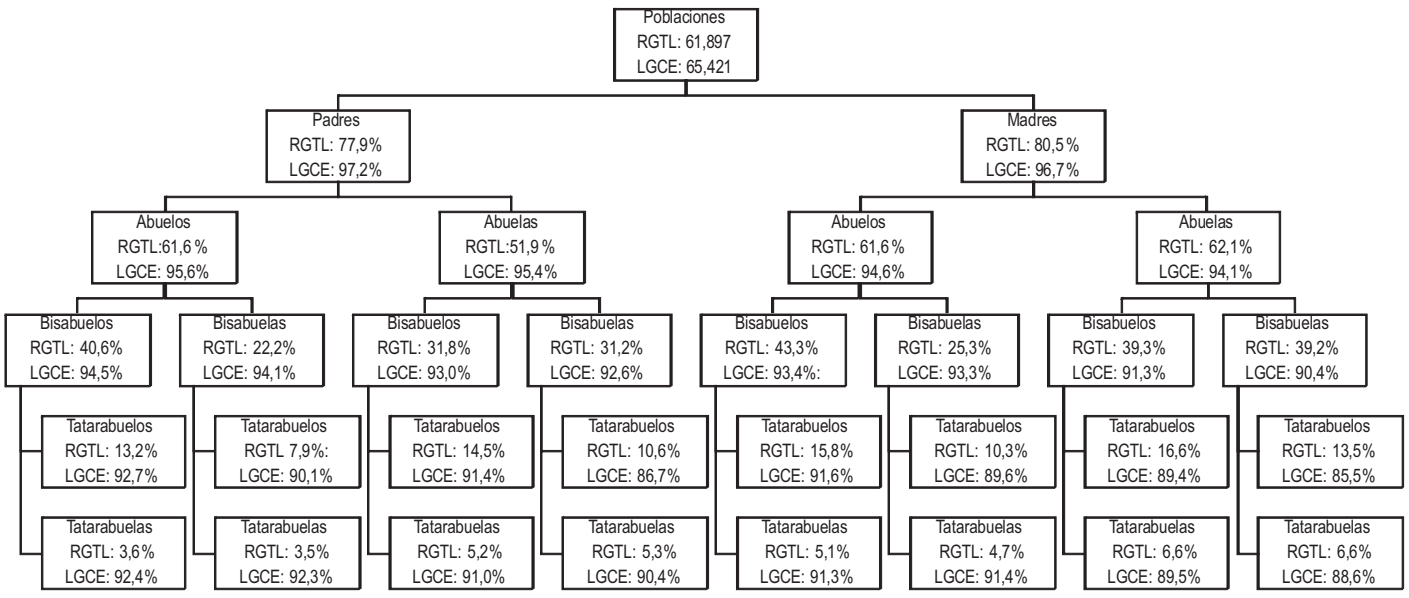


**FIGURA 1. PORCENTAJES (%) DE INFORMACIÓN GENEALÓGICA EN CUATRO GENERACIONES DEL REGISTRO GENEALÓGICO DEL BOVINO DE LIDIA (RGTL) Y DEL LIBRO GENEALÓGICO DEL EQUINO DE PURA RAZA ESPAÑOLA (LGCE).**

*TABLA I*

**PORCIÓN (%) DE INDIVIDUOS A TRAVÉS DE LOS NIVELES DE CONSANGUINIDAD (F) Y DEL COEFICIENTE DE REPROLACIÓN PROMEDIO (CRP), EN EL REGISTRO GENEALÓGICO DEL BOVINO DE LIDIA (TOROS) Y EN EL LIBRO GENEALÓGICO DEL EQUINO DE RAZA PURA ESPAÑOLA (CABALLOS)**

| Niveles de F (%) | Caballos | Toros | Niveles del CRP | Caballos | Niveles del CRP | Toros |
|---|---|---|---|---|---|---|
| 0,00 | 8,29 | 89,23 | 0,0-1,0 | 4,57 | 0,00-0,05 | 46,60 |
| 0,01-5,0 | 32,73 | 5,56 | 1,1-5,0 | 3,74 | 0,06-0,10 | 21,47 |
| 5,1-10,0 | 35,47 | 2,22 | 5,1-10,0 | 32,79 | 0,11-0,15 | 13,44 |
| 10,1-15,0 | 13,15 | 1,72 | 10,1-15,0 | 52,72 | 0,16-0,25 | 13,70 |
| 15,1-20,0 | 6,19 | 0,33 | 15,1-20,0 | 6,15 | 0,26-0,50 | 4,78 |
| 20,1-25,0 | 2,36 | 0,80 | >20,0 | 0,04 | >0,50 | 0,01 |
| >25,0 | 1,81 | 0,15 | | | | |
| Total | 100% | 100% | | 100 % | | 100% |

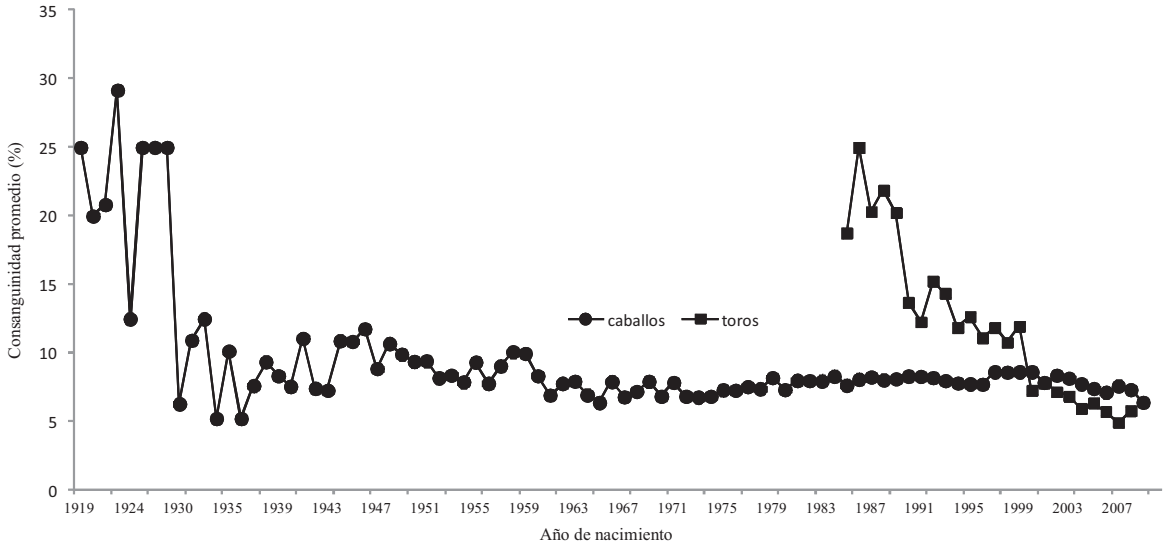


**FIGURA 2. TENDENCIA DE LOS NIVELES DE CONSANGUINIDAD A TRAVÉS DEL TIEMPO DEL REGISTRO GENEALÓGICO DEL BOVINO DE LIDIA (TOROS) Y DEL LIBRO GENEALÓGICO DEL EQUINO DE PURA RAZA ESPAÑOLA (CABALLOS).**

ta a todas las características, ni a todas las poblaciones con la misma intensidad, por lo que se requiere cuantificar sus efectos para casos particulares. Al respecto, Domínguez y col. [7] analizaron el pedigrí de cuatro de las ganaderías de lidia afiliadas al RGTL, y obtuvieron resultados diferentes al presente estudio: a) la proporción de animales consanguíneos fue superior; b) la consanguinidad promedio, a través de las cuatro ganaderías evaluadas osciló de 2,44 a 12,91% y c) la tendencia a través del tiempo de los niveles de F fue positiva. Además, reportaron una asociación significativa y positiva entre el nivel de F del animal y las notas de comportamiento durante el proceso de preselección (tienta) y la lidia. Del mismo modo, Santa-Martina [28] reportó consanguinidades promedios menores a la de RGTL, con tendencias positivas a través del tiempo en el análisis de tres ganaderías. Rodero y col. [23] evaluaron las genealogías en cinco ganaderías de lidia y reportaron promedios de F menores (0,12 y 0,13%) a los obtenidos en el presente estudio. En estudios similares en razas de bovinos, Gutiérrez y col. [12] publicaron promedios de F en la población consanguínea superiores (de 7,8 a 14,2%) a los del presente estudio, con tendencias positivas a través del tiempo. Por otro lado, en estudios afines con poblaciones de equinos de origen común a la del LGCE [4, 31], se han reportado proporciones de animales consanguíneos cercanas al 90%, con promedios de 7,0 a 13,0% y máximos superiores a los del presente estudio, así como tendencias positivas de los niveles de F a través del tiempo. En estudios relacionados y más específicos con variables zoométricas de interés en los esquemas de selección de ciertas razas de equinos, Gómez y col. [10] publicaron efectos negativos de la F sobre las medias fenotípicas (depresión endogámica), así como implicaciones en la predicción de valores genéticos y en la jerarquización de sementales. No obstante, otros autores han analizado el pedigrí de ciertas razas de equinos con poblaciones consanguíneas y promedios y niveles de F inferiores a los obtenidos en el LGCE [8, 14, 32].

En el RGTL, el CRP fluctúo de 0,0016 a 0,6557, con un promedio de 0,0812. En el LGCE, el CRP promedio fue de 10,2, con estimaciones máximas de 23,5. En el RGTL la consanguinidad promedio esperada en un nuevo individuo es del 0,08%, con máximos esperados del 0,65%; sin embargo, para el LGCE la consanguinidad promedio esperada en un nuevo individuo es del 10,2%, con consanguinidad máximas esperadas del 23,5%. Para un individuo con un CRP de 20, si se toma un alelo al azar en la población total, hay una probabilidad de 0,20 o de 20% que provenga del individuo en cuestión; individuos con altos CRP son los de mayores aportaciones y uso en el pedigrí, con tendencias a estar más emparentados y generar crías consanguíneas [8, 13]. Promedios de CRP, en un intervalo de 0,10 a 1,70 fueron publicados por Gutiérrez y col. [12] en ocho razas de bovinos; asimismo, Varela y col. [31] publicaron estimaciones promedio de CRP de 12,25 y 13,01 en dos razas de equinos.

Los resultados en la estimación de parámetros de poblaciones difieren a través de las poblaciones evaluadas (TABLA II). La población base (al menos un padre conocido o efecto fundador) representó menos del 5% de la población total en el LGCE, mientras que en el RGTL representó alrededor del 20%. En el LGCE, la gran proporción de animales consanguíneos asociados a los altos niveles de consanguinidad (TABLA I), así como la tendencia de los niveles de F a través del tiempo (FIG. 2), derivan del reducido número efectivo de fundadores (26,3) y del reducido número efectivo de ancestros (19); tal fue el caso, solo siete individuos explican el 50% de la variabilidad del pedigrí (TABLA II). El número efectivo de ancestros es complementario al número efectivo de fundadores, dado que tiene en cuenta la variabilidad genética aportada por un individuo que no se explica por la contribución de alguno de sus hijos [11]. El reducido número de ancestros que explican altos porcentajes de variación en el pedigrí, tiene en consideración que la contribución de los reproductores puede estar desequilibrada y considera los posibles cuellos de botella que haya experimentado la población estudiada debido a un excesivo uso de algunos reproductores [2, 7]. Los resultados en el LGCE coinciden con otras publicaciones en poblaciones de equinos españoles de origen árabe, y de la región de Andalucía [4, 31], donde menos de diez individuos explicaron el 50% del pedigrí, así como un número efectivo de fundadores menor a 40 individuos.

Con base en el Ne (TABLA II), la tasa de reducción de heterocigosis fue de 1,46% en el LGCE y de 0,74% en el RGTL; un alto Ne indica una baja reducción de heterocigotos, por el contrario con un bajo Ne se esperaría una alta reducción de heterocigotos. Lo anterior se atribuye a que en poblaciones diploides, los alelos presentes en una generación son solo una muestra de los alelos presentes en una generación previa, ya que algunos de ellos no fueron transmitidos, y así sucesivamente hacia el pasado; generaciones con bajo Ne, ostentarían menos copias de alelos originales, por consiguiente los individuos se vuelven más homocigotos, aumentando la probabilidad de que sus alelos sean idénticos por descendencia [9]; asociado a esto, la cantidad de ancestros fundadores define la cantidad de alelos originales.

En las ganaderías de lidia hay aspectos de manejo y de origen que pueden influir en la reducción del número efectivo de reproductores y en el aumento de los niveles de consanguinidad. Los aspectos de origen conciernen a que la ganadería de lidia mexicana se derivó de un reducido número de ganaderías fundadoras [3, 18]; mientras que los aspectos de manejo, se atribuyen a que la mayoría de las ganaderías producen sus propios reemplazos y el número de sementales es reducido [28]. Sin embargo, los resultados del RGTL fueron diferentes a lo antes mencionado, lo cual se puede atribuir a diversos aspectos: a) la información genealógica en las ganaderías de lidia se remonta a principios del siglo XX [3, 18], no obstante, el Registro Genealógico es de reciente creación y no incluye todo el historial genealógico, asociado con la reducción en el contenido de información genealógica que se observó en la FIG. 1; b) la información del RGTL se derivó de un alto número de ancestros, con altos Ne y una baja reducción de heteroci-

*TABLA II*

**ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS DE POBLACIONES EN EL REGISTRO GENEALÓGICO DEL BOVINO DE LIDIA (TOROS) Y EN EL LIBRO GENEALÓGICO DEL EQUINO DE RAZA PURA ESPAÑOLA (CABALLOS)**

| Ítem o parámetros | Caballos | Toros |
|---|---|---|
| Población base, al menos un padre conocido | 2.739 | 15.858 |
| Población base, efecto fundador* | 2.001 | 12.868 |
| Número efectivo de fundadores | 26,3 | 1986,7 |
| Consanguinidad promedio esperada** | 1,90 | 0,03 |
| Número de ancestros que dan origen a la población | 776 | 10.716 |
| Número efectivo de ancestros | 19 | 1.103 |
| Número de ancestros que explican el 50% del pedigrí | 7 | 527 |
| Número efectivo de reproductores | 34,2 | 67,69 |

* Número de individuos fundadores que, contribuyendo en igual medida, producirían la diversidad genética existente en la población.
** Nivel de consanguinidad esperado, a partir del tamaño efectivo y sin fuerzas que afecten las estructura de las poblaciones.

gotos, lo cual no ha incrementado los niveles de consanguinidad y c) los resultados del CRP se asocian a las tendencias negativas en los niveles de consanguinidad (FIG. 2), lo cual indicaría que varios criadores han implementado sistemas de apareamiento con tendencias a reducir el parentesco entre los individuos, y por consiguiente una reducción en los niveles de consanguinidad. Casos particulares como el publicado por Domínguez y col. [7], donde el número de ancestros que explicó el 50% del pedigrí en cuatro ganaderías afiliadas al RGTL, osciló de 3 a 11, y en algunos casos, fueron los mismos individuos a través de tres ganaderías. En otros estudios relacionados con poblaciones de bovinos se han reportado estimaciones de tamaño efectivo y número de ancestros fundadores menores a las obtenidas en el RGTL [12, 22, 24].

Por otro lado, las estimaciones del intervalo generacional (TABLA III) osciló de 9,6 a 10,4 años en el LGCE, mientras que en el RGTL varió de 7,1 a 8,6 años. Altos intervalos generacionales en el LGCE se pueden atribuir a diversas causas como: fisiología reproductiva de la especie, sistemas de producción y esquemas de selección muy diferentes a otras especies, donde el interés es el vender gran cantidad de crías en el menor tiempo posible; la selección de un nuevo semental vía paterna o materna está en función de la cantidad de crías que tienen evaluadas sus progenitores. Para el caso de la población seleccionada, en el LGCE fueron mayores las estimaciones a través del padre (10,4 *vs* 9,8 y 9,9), lo cual puede atribuirse a que los sementales se utilizan por un mayor tiempo en los criaderos. Con relación al RGTL, el menor intervalo generacional se obtuvo en la relación madre-hijo, mientras que la mayor estimación fue a través de la relación padre-hijo (TABLA III); lo anterior indica que la selección de un semental vía materna se realiza por medio del pedigrí sin tomar en cuenta el número de crías evaluadas y las vacas se desechan dejando poca progenie, mientras que la selección de reproductores vía paterna se realiza en función del número de progenie evaluada y por consiguiente se utilizan más tiempo los sementales en las ganaderías. Con relación a bovinos y el RGTL, los intervalos generacionales del presente estudio son muy superiores a los publicados en catorce poblaciones de origen europeo, especializadas en la producción de leche o de carne [12, 22]; estas diferencias se pueden atribuir a los diferentes esquemas de manejo reproductivo y el sistema de producción asociado al mercado. En razas de bovinos para carne, el destete se realiza alrededor de los 205 d de edad, tratando de reducir el intervalo entre partos y la edad al primer parto. En ganado de lidia, el destete se realiza a los ocho o más meses de edad, con mayores intervalos entre partos; los reemplazos inician la etapa reproductiva posterior al proceso de "tienta", que se realiza alrededor de los dos años de edad; posteriormente, los sementales se utilizan con reserva conforme van evaluando la progenie, hasta que cierto número de crías expresa comportamientos satisfactorios se inicia el uso intensivo de los mismo [3, 7].

## CONCLUSIONES

La consanguinidad promedio en ambas poblaciones fue similar; sin embargo, la estructura del pedigrí y los parámetros de poblaciones fueron diferentes. En el Libro Genealógico del Caballo de Pura Raza Española, el contenido de información genealógica y la integridad de los pedigrí fue bastante completa, gran proporción de la población fue consanguínea con altos niveles de consanguinidad; asociado a un reducido número efectivo de ancestros fundadores y reproductores.

*TABLA III*

**ESTIMACIÓN DE LOS INTERVALOS DE GENERACIÓN PARA LA POBLACION TOTAL Y SELECCIONADA, EN EL REGISTRO GENEALÓGICO DEL BOVINO DE LIDIA (TOROS) Y EN EL LIBRO GENEALÓGICO DEL EQUINO DE RAZA PURA ESPAÑOLA (CABALLOS)**

| Relación | Caballos | | Toros | |
|---|---|---|---|---|
| | n[§] | Int ± ee* | n[§] | Int ± ee* |
| | Población seleccionada[¶] | | | |
| Intervalo padre-hijo | 5.114 | 10,4 ± 0,07 | 2.559 | 8,7 ± 0,09 |
| Intervalo padre-hija | 14.337 | 10,4 ± 0,07 | 17.877 | 8,2 ± 0,08 |
| Intervalo madre-hijo | 5.102 | 9,9 ± 0,07 | 2.018 | 7,1 ± 0,06 |
| Intervalo madre-hija | 14.310 | 9,8 ± 0,07 | 18.233 | 8,5 ± 0,08 |
| | Población total[¶¶] | | | |
| Intervalo padre-hijo | 30.857 | 10,3 ± 0,03 | 17.577 | 7,6 ± 0,02 |
| Intervalo padre-hija | 32.709 | 10,3 ± 0,03 | 30.631 | 7,9 ± 0,03 |
| Intervalo madre-hijo | 30.720 | 9,6 ± 0,02 | 18.016 | 7,9 ± 0,03 |
| Intervalo madre-hija | 32.553 | 9,6 ± 0,02 | 31.834 | 8,3 ± 0,03 |

* Int = intervalo generacional promedio. ee = error estándar. [§] Total de intervalos de generación calculados. [¶¶] Edad media de los padres, a la que sus hijos se convierten en padres. [¶] Edad media de los padres, a la que sus hijos se convierten en padres de sólo aquellos descendientes destinados a ser seleccionados.

El Registro Genealógico del Toro de Lidia es de reciente creación, un reducido número de individuos fueron consanguíneos con tendencias negativas en los niveles de consanguinidad a través del tiempo; se observó una importante reducción en el contenido de información genealógica y en la integridad de los pedigrí, siendo más evidente en las líneas a través de las hembras.

Dado que este estudio es un paso previo a la implementación de las evaluaciones genéticas, en el Caballo de Pura Raza Española se deben de analizar los posibles efectos de la consanguinidad en la estimación de parámetros genéticos y en la jerarquización de los individuos con base en la predicción de valores genéticos. De igual forma, en el Toro de Lidia se deben analizar los posibles efectos de la estructura del pedigrí y el contenido de información genealógica en la conectividad a través de ganaderías y en las estructura de la matriz de relaciones genéticas utilizada en la estimación de componentes de varianza.

## AGRADECIMIENTO

La Asociación Nacional de Criadores de Toros de Lidia y La Asociación Nacional de Criadores de Caballos de Pura Raza Española en México, agradecen al Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios los apoyos recibidos para la realización de este tipo de estudios.

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

[1] ANALLA, A.; SÁNCHEZ-PALMA, A.; MUNOZ-SERRANO, A.; SERRADILLA, J.M. Simulation analysis with BLUP methodology of different data structures in goat selection schemes in Spain. **Small Rum. Res.** 17:51-55. 1995.

[2] BOICHARD, D.; MAIGNEL, L.; VERRIER, É. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genet. Sel. Evol.** 29: 5-23. 1997.

[3] CASTILLO, E. El Campo Bravo Mexicano. **Nuestro Toro**. Asociación Nacional de Criadores de Toros de Lidia. México, D.F. 483 pp. 2003.

[4] CERVANTES, I.; MOLINA, A.; GOYACHE, F.; GUTIÉRREZ, J.P.; VARELA, M. Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. **Livest. Sci.** 113:24-33. 2008.

[5] CLÉMENT, V.; BIBÉ, B.; VERRIER, É.; ELSEN, J.M.; MANFREDI, E.; BOUIX, J.; HANOCQ, E. Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. **Genet. Sel. Evol.** 33:369-395. 2001.

[6] CORTÉS, O.; DUNNER, S.; GARCÍA-ATANCE, M.A.; GARCÍA, D.; CAÑÓN, J. Matrilíneas en la formación del Ganado bovino de Lidia. **Arch. Zoot.** 56:397-402. 2007.

[7] DOMÍNGUEZ, J.; RODRÍGUEZ, F.A.; NÚÑEZ, R.; RAMÍREZ, R.; ORTEGA, J.A.; RUÍZ, A. Análisis del pedigrí y efectos de la consanguinidad en el comportamiento del ganado de lidia mexicano. **Arch. Zoot.** 59: 63-72. 2010.

[8] DUNNER, S.; CHECA, M.L.; GUTIÉRREZ, J.P.; MARTIN, J.P.; CAÑÓN, J. Genetic analysis and management in small populations the Asturcon pony as an example. **Genet. Sel. Evol.** 30:397-405. 1998.

[9] FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. Genealogías y sistemas regulares de consanguinidad. **Introducción a la genética cuantitativa**. 4ª Ed. Longman Pub. London, UK. 474 pp. 1996.

[10] GÓMEZ, M.D.; VARELA, M.; MOLINA, A.; GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F. Assessment of inbreeding depression for body measurements in Spanish purebred (Andalusian) horses. **Livest. Sci.** 122:149-155. 2009.

[11] GOYACHE, F.; GUTIERREZ, J.P.; FERNANDEZ, I.; GOMEZ, E.; ALVAREZ, I.; DÍEZ, J.; ROJO, L.J. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. **J. Anim. Breed. Genetic.** 120:95-105. 2003.

[12] GUTIÉRREZ, J.P.; ALTARRIBA, J.; DÍAZ, C.; QUINTANILLA, R.; CAÑÓN, J.; PIEDRAFITA, J. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genet. Sel. Evol.** 35: 43-63. 2003.

[13] GUTIÉRREZ, J.P.; GOYACHE, F. A note on ENDOG: a computer program for analysis pedigree information. **J. Anim. Breed. Genet.** 122: 172-176. 2005.

[14] HAMANN, H.; DISTL, O. Genetic variability in Hanoverian warmblood horses using pedigree analysis. **J. Anim. Sci.** 86:1503-1513. 2008.

[15] HANOCQ, E.; BOICHARD, D.; FOULLEY, J.L. A simulation study of the effect of connectedness on genetic trend. **Genet. Sel. Evol.** 28:67-82. 1996.

[16] JAMES, J.W. Computation of genetic contributions from pedigrees. **Theoret. and Appl. Genet.** 42:272-273. 1972.

[17] JAMES, J.W. A note on selection differential and generation length when generations overlap. **Anim. Prod.** 24:109-112. 1977.

[18] LANFRANCHI, H. Ganaderías fundadoras en México. **Historia del Toro Bravo Mexicano**. Asociación Nacional de Criadores de Toros de Lidia. México, D.F. 401 pp. 1992.

[19] LLAMAS, J.; CASTELLO, J.L.; GIL, A. Caballo de Pura Raza Española. **La cría caballar en España**. Editorial Darley, S. A. Barcelona. 231 pp. 1992.

[20] MACCLUER, J.; BOYCE, B.; DYKE, L.; WEITZKAMP, D.; PFENNING, A.; PARSONS, C. Inbreeding and pedigree structure in Standardbreed horses. **J. Hered.** 74:394-399. 1983.

[21] MEUWISSEN, T.H.E.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genet. Sel. Evol.** 24:305-313. 1992.

[22] PARLAND, S.; KEARNEY, J.F.; RATH, M.; BERRY, D.P. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. **J. Anim. Sci.** 85: 322-331. 2007.

[23] RODERO, A.; ALONSO, F.; GARCÍA, J. Consanguinidad en el toro de lidia. **Arch. Zoot.** 34:225-234. 1985.

[24] RON, L.; BIRCHMEIER, A.N.; MUNILLA, S.; CANTET, R.J.C. Estimation of effective population size using bivariate discrete distributions for modeling family size in beef cattle. **Livest. Sci.** 117:43-51. 2008.

[25] SECRETARÍA DE AGRICULTURA, GANADERÍA Y DESARROLLO RURAL (SAGAR). Estatus de la ganadería de lidia mexicana. Tercer foro de análisis de los recursos genéticos: ganadería ovina, caprina, porcina, avícola, apícola, equina y de lidia**.** México D.F., 27 y 28 de agosto. 250 pp. 1998.

[26] SECRETARÍA DE AGRICULTURA, GANADERÍA, DESARROLLO RURAL, PESCA Y ALIMENTACIÓN (SAGARPA). Reglamento técnico de la Asociación Nacional de Criadores de Toros de Lidia. Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. México D.F. 30 pp. 2001.

[27] SECRETARÍA DE AGRICULTURA, GANADERÍA, DESARROLLO RURAL, PESCA Y ALIMENTACIÓN (SAGARPA). Reglamento técnico de la Asociación Nacional de Criadores de Caballos de Pura Raza Española en México. Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. México D.F. 35 pp. 2007.

[28] SANTA-MARTINA, J. El toro de Lidia: conservación de los recursos genéticos. **Arch. Zoot.** 50: 35-40. 2001.

[29] STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM INSTITUTE (SAS). SAS/STAT User's Guide. Release 9.0. USA. 2005.

[30] TOSH, J.J.; WILTON, J.W. Effects on data structure on variance of prediction error and accuracy of genetic evaluation. **J. Anim. Sci.** 72:2568-2577. 1994.

[31] VARELA, M.; MOLINA, A.; GUTIÉRREZ, J.P.; GÓMEZ, J.; GOYACHE, F. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livest. Prod. Sci.** 95:57-66. 2005.

[32] VARELA, M.; MARTÍNEZ, J.; MOLINA, A.; RODERO, A. Estudio poblacional de la raza equina autóctona losina. **Arch. Zoot.** 49:135-145. 2000.

[33] VILLEGAS, G.; BOLAÑOS, A.; OLGUÍN, L. Antecedentes y orígenes de la ganadería mexicana. **La ganadería en México**. Temas selectos de geografía en México – Universidad Nacional Autónoma de México. 170 pp. 2001.