

Reducción de la variabilidad genética en el caballo de pura raza español

*Gutiérrez, J.P. & Cañón, J.**

Introducción

Desde la apertura del Libro Genealógico del caballo de Pura Raza Española en 1912, los apareamientos han sido supuestamente realizados entre animales pertenecientes al Libro, lo que ha podido suponer un incremento importante de la endogamia en esta población. De este modo, aunque figuran entre 4000 y 5000 animales nacidos en el año 1994, y se cuentan más de 50000 individuos en el Libro, la búsqueda de un estándar racial ha podido llevar al abuso en la utilización de algunos sementales, lo que conllevaría un importante incremento de endogamia con la consiguiente disminución de variabilidad genética, comportándose el conjunto de los animales como una población de censo reducido.

Aunque existen muchas recomendaciones que permiten mantener el incremento de endogamia dentro de unos niveles aceptables, en la actualidad, la estrategia óptima consiste en realizar apareamientos de mínimo parentesco de forma que el incremento de endogamia por generación sea mínimo. Esta estrategia presenta a muy largo plazo incrementos de endogamia superiores incluso a los resultantes de la elección de reproductores al azar. Sin embargo, este largo plazo parece lo suficientemente grande como para no tener en cuenta este hecho.

La aplicación de programas de mínimo parentesco resulta un sistema excesivamente rígido, ya que en poblaciones naturales como la analizada, es frecuente no poder realizar un cruce entre animales alejados genéticamente, lo que hace imposible llevar a cabo la combinación exigida. Además, el planteamiento general de los programas de mínimo parentesco parte de la necesidad de aparear cada uno de los

* Departamento de Producción Animal. Universidad Complutense.

animales con un mismo número de animales del sexo contrario. Sin embargo, por la representación que un animal puede tener previamente en el resto de la población, podría resultar más interesante desequilibrar el número de descendientes de un reproductor en favor de aquél que se encuentra menos representado en la población.

Por otro lado, no parece estar clara la estrategia a seguir cuando la población puede presentar solapamientos generacionales complicados, como ocurre con poblaciones reales de especies de elevada longevidad. Además, el seguimiento de poblaciones estructuradas en grupos con mayor o menor conexión entre ellos hace difícil la aplicación de expresiones que permitan tener en cuenta la migración, complicando el tratamiento de la población como una unidad.

El tamaño efectivo ha sido el parámetro elegido para trabajar con poblaciones de censo finito por su estrecha relación con el incremento de endogamia por generación y porque asintóticamente su comportamiento teórico es adecuado. Sin embargo, es difícil entender la teoría asintótica, que hace referencia a un número infinito, en una población de tamaño reducido. Además, la teoría desarrollada sobre la predicción del tamaño efectivo parece muy lejos de encontrar una fórmula que permita tratar las poblaciones reales de ganado.

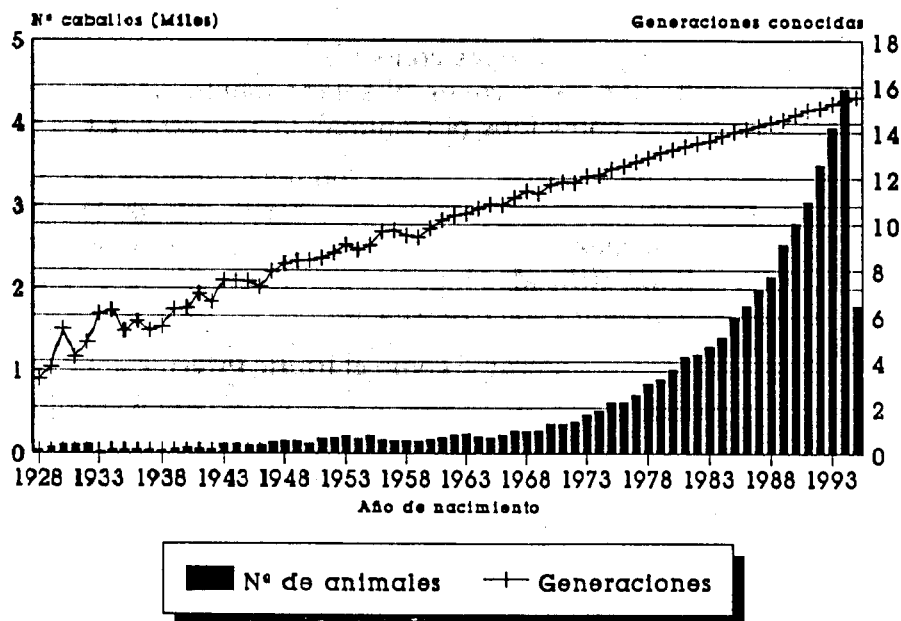
En este trabajo se analiza la población de caballos de Pura Raza Española desde el punto de vista de la disminución de la variabilidad genética por efecto de la endogamia. Además de los coeficientes de consanguinidad y su incremento, se utilizan nuevos parámetros que permiten analizar poblaciones de censo finito, tales como medidas de solapamiento de generaciones y tamaño efectivo de población base. Además, se presenta el parentesco medio de un animal con toda la población como posible criterio para limitar el uso de animales como reproductores.

Utilidad de la base de datos del Caballo Español

Se ha utilizado la base de datos informatizada que Cría Caballar envió gratuitamente a todos los ganaderos. Esta base de datos disponía de los 51210 registros de animales conocidos desde el inicio del Libro Generalógico en 1912. En este año se comenzó anotando como

Figura 1.— Distribución del número de animales por año de nacimiento y número medio de generaciones conocidas.

Número de caballos y generaciones conocidas por año de nacimiento



válidos a todos aquéllos animales que estuvieran vivos y se conocieran sus dos padres y sus cuatro abuelos, perteneciendo todos ellos al estándar racial. Por este motivo, en la base de datos aparecen muchos animales nacidos en el siglo pasado cuya fecha de nacimiento era desconocida por lo que sólo se dispone de una fecha tentativa. Por ello, a efectos de incrementos de endogamia por año de nacimiento, sólo han sido aceptadas como válidas las de caballos nacidos con posterioridad a 1927 a pesar de haberse encontrado entre éstos algunos errores declarados. Sin embargo, sí se han asumido como verdaderas las paternidades asignadas en el Libro siempre que no presentaran incongruencias, las cuáles han supuesto la eliminación de muy pocos animales. A pesar de imponer estas restricciones se presentan algunas incongruencias en el número de generaciones conocidas en los primeros años aceptados como válidos (Gráfico 1).

Número de generaciones conocidas

Es evidente que el coeficiente de endogamia, calculado a partir de listas genealógicas aumenta con el número de generaciones conocidas. Por tanto, una forma de establecer la forma en que han sido realizados los apareamientos consiste en medir el incremento de endogamia que se produce por generación. Sin embargo, en poblaciones reales el número de generaciones conocidas es difícil de establecer, fundamentalmente por dos razones, el solapamiento generacional y el número de padres conocidos por animal.

Los individuos de la población base son normalmente asignados a la generación 0. Sus descendientes pertenecerían a la generación 1. En poblaciones naturales, por los problemas arriba mencionados, dos han sido los criterios utilizados para medir el número de generaciones conocidas:

a) Lo que podría considerarse como el **límite inferior** del número de generaciones conocidas. En este caso, se considera una generación nueva cuando se conocen ambos padres del individuo, por lo que se ignora el conocimiento que se posee de algunos antecesores. Si los incrementos de endogamia por generación son obtenidos según este sistema de asignar generaciones conocidas, los valores resultantes producen una sobreestimación de estos incrementos y por tanto una infraestimación del tamaño efectivo. Por ello, el tamaño efectivo obtenido de esta manera debe interpretarse como el límite inferior del propio tamaño efectivo.

b) **Límite superior** del número de generaciones conocidas. Se considera una generación nueva cuando se conoce al menos un padre del individuo (Gutiérrez et al., 1990, Cañón et al., 1994). En este caso se asumen conocidos muchos ancestros que no existen en las genealogías. Al contrario que en el caso anterior los incrementos de endogamia son infraestimados y el tamaño efectivo sobreestimado. Sin embargo, puesto que la entrada de animales nuevos supone que un descendiente suyo sea asignado a una generación posterior a la del otro padre, muchos coeficientes de endogamia nulos son asignados a animales con un supuestamente elevado número de generaciones conocidas, lo que puede llevar a incongruencias en los resultados.

El número de generaciones ha sido establecido considerado de ambas maneras.

El número medio de generaciones conocidas según su límite inferior fue de 4,7 con un máximo de 8 generaciones conocidas en 3 individuos, siendo la moda o valor más frecuente 5 generaciones conocidas en 16854 caballos. Según su límite superior, el número medio de generaciones conocidas fue de 13,7 con un máximo de 19 en 13 individuos, siendo la moda o valor más frecuente, 15 generaciones conocidas en 11793 caballos.

Medida del solapamiento generacional

Es sabido que el tamaño efectivo es difícil de evaluar en poblaciones reales debido fundamentalmente al solapamiento generacional, hasta la fecha difícil de medir. Aunque el censo efectivo puede ser estimado a partir de los incrementos de endogamia por generación, por los problemas arriba mencionados, parece necesario elaborar un criterio que permita conocer el grado de solapamiento generacional como parámetro utilizado en la descripción de la población.

En este texto se propone una medida del solapamiento generacional basado en la expresión estadística utilizada para la varianza:

$$o = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (g_{ip} - g_{im})^2}{n}} \quad [1]$$

siendo:

g_{ip} y g_{im} el número de generaciones conocidas respectivamente del padre y la madre del individuo i , considerando el número de generaciones conocidas según el segundo criterio expuesto anteriormente y n el número de individuos cuyos padres pertenezcan al menos a la generación 1.

No se consideran los animales cuyos padres pertenecen a la generación 0 por el sesgo que supondría la entrada de animales nuevos en la población con el paso del tiempo. Estos animales se encontrarían en la generación 0 mientras que sus descendientes pertenecerían a una generación más que su otro padre, provocando una enorme diferencia de generaciones conocidas.

El resultado de esta expresión debe entenderse como la diferencia generacional que existe entre reproductores como término medio. En caso de ausencia de solapamiento el resultado de esta expresión es cero.

El solapamiento así establecido ha resultado ser de 1,75 generaciones lo que supone que como término medio un individuo es obtenido a partir del cruce de un animal con otro casi de la generación de sus abuelos.

Intervalo generacional

El incremento de endogamia se produce como consecuencia del muestreo de gametos a través de generaciones, por lo que los incrementos de endogamia deben ser tratados por generación. Sin embargo, el interés de la endogamia puede centrarse en su incremento por unidad de tiempo. Por ello, los intervalos generacionales deben ser calculados.

El intervalo generacional fue calculado para las cuatro vías (padre-hijo, padre-hija, madre-hijo y madre-hija) utilizando las fechas de nacimiento de cada individuo y la de sus padres. Los resultados se muestran en la tabla 1.

Tabla 1.— Intervalos generacionales en el caballo español

Intervalo	Media	Nº datos	Error estándar de la media
Padre-Hija	10,36	24158	0,027
Padre-Hijo	10,36	23029	0,032
Madre-Hija	9,68	23989	0,025
Madre-Hijo	9,67	22956	0,026
TOTAL	10,02	94132	0,015

El intervalo generacional resultó ser de 10,02 años y sólo hubo diferencias significativas ($\alpha = 0,001$) entre la vía padre-descendiente

(10,36) y la vía madre-descendiente (9,67). Esto supone que como término medio cada animal tiene un hijo a los 10 años.

Si se tiene en cuenta el grado de solapamiento en la población junto con este intervalo generacional, mediante su producto se puede obtener la diferencia de edad entre los animales que se cruzan. Este dato resultó ser de 17,9 años.

Incremento de endogamia y tamaño efectivo

El coeficiente de endogamia (Wright, 1922, Malécot, 1948) fue calculado para todos los animales utilizando un procedimiento de cálculo modificado del que había sido utilizado por Quaas (1978) (Gutiérrez et al, 1990).

Asimismo, y teniendo en cuenta las dos posibles maneras de definir las generaciones, se obtuvo el incremento de endogamia por generación, mediante la expresión:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}} \quad [2]$$

Utilizando estos incrementos de endogamia se obtuvieron los tamaños efectivos por generación mediante:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F} \quad [3]$$

En la tabla 2 se presentan los incrementos de endogamia por generación según su límite inferior. En la misma tabla se puede observar la evolución del tamaño efectivo como consecuencia de estos incrementos de endogamia.

El tamaño efectivo por generación, ponderado por el número de individuos en cada generación resultó ser de 37,5. Este valor debería considerarse como el tamaño efectivo mínimo que presenta la población, ya que los incrementos de endogamia están sobreestimados al considerar como ascendientes desconocidos todos los antecesores que comparten generación en el árbol genealógico de un animal con otros que realmente se desconocen. Se puede apreciar un incremento del

Tabla 2.— Incrementos de endogamia y censo efectivo por generación según su límite inferior.

GEN	N	F_t	DF	Ne
0	463	0.000	0.000	----
1	777	0.021	0.021	23.4
2	1494	0.046	0.025	20.0
3	4288	0.061	0.016	32.2
4	10968	0.076	0.016	30.5
5	16854	0.086	0.010	48.6
6	11189	0.010	0.014	35.2
7	1207	0.127	0.032	15.8

tamaño efectivo hasta la quinta generación, en la que además aparece un mayor número de individuos. Esto parece indicar que en un momento dado hubo una preocupación por los apareamientos entre animales de forma que no tuvieran antecesores comunes, al menos en sus ascendientes más cercanos (padres, abuelos). Este incremento del tamaño efectivo coincide con un proceso de expansión de la población reflejado en un incremento del número de individuos. Sin embargo, parece que no ha habido tal precaución en las últimas generaciones donde los incrementos de endogamia son de tal magnitud que el tamaño efectivo se encuentra en torno a 16 individuos. Además, los coeficientes de endogamia medios en esta generación son equivalentes a los producidos por el cruce de dos individuos hijos del mismo padre lo que indica su magnitud.

En la tabla 3 se presentan los incrementos de endogamia por generación, entendida ésta según su límite superior. En esta tabla se aprecia que existen generaciones en las que los coeficientes de endogamia son inferiores a las precedentes lo que implica incrementos de endogamia negativos. Existen dos razones que llevan a este resultado. En primer lugar, la preocupación que debió existir en los inicios por evitar el cruce entre individuos relacionados tras haber pasado por coeficientes de endogamia muy elevados. Obsérvese que en generaciones muy tempranas, los coeficientes de endogamia medios son muy elevados. En concreto, en la segunda generación, el coeficiente de endo-

gamia medio es incluso superior a los animales con mayor cantidad de pedigree conocido. De hecho, el tamaño efectivo estimado para dar lugar a la segunda generación es tan sólo de cinco individuos. Sin duda estos elevados coeficientes de endogamia se deben a cruces entre animales muy emparentados, ya que una disminución de los coeficientes de endogamia fue posible en las siguientes generaciones. La otra razón que da lugar a incrementos de endogamia negativos es la asignación de animales a una elevada generación por el hecho de la migración. Es decir, la aceptación en cualquier momento de animales en el Libro Genealógico por el hecho de tener un descendiente al aparearse con otro animal del Libro hace que al descendiente se le asigne un elevado número de generaciones conocidas cuando no es posible la existencia de un antecesor común en su pedigree por desconocimiento de uno de sus padres. Esta hipótesis se ve reforzada al comparar la media de generaciones conocidas según los dos criterios establecidos, ya que la diferencia resulta muy elevada.

Tabla 3.— Incrementos de endogamia y censo efectivo por generación según su límite superior.

GEN	N	F_t	ΔF	Ne
0	125	0,0000	0,0000	----
1	83	0,0000	0,0000	----
2	40	0,0938	0,0938	5,3
3	51	0,0000	-0,1035	<0
4	105	0,0728	0,0728	6,9
5	96	0,0238	-0,0529	<0
6	295	0,0079	-0,0163	<0
7	423	0,0302	0,0225	22,2
8	715	0,0515	0,0220	22,8
9	1032	0,0632	0,0123	40,5
10	1409	0,0721	0,0095	52,6
11	2075	0,0719	-0,000	<0
12	3582	0,0811	0,0099	50,4
13	6495	0,0824	0,0014	357,3
14	10225	0,0854	0,0033	152,9
15	11793	0,0880	0,0028	175,9
16	6874	0,0869	-0,0012	<0
17	1641	0,0882	0,0014	351,2
18	171	0,0858	-0,0026	<0
19	13	0,0933	0,0082	60,9

El fenómeno de la migración resulta así un caso extremo de solapamiento, ya que en este caso se da una diferencia entre generaciones conocidas de los animales que se cruzan. En el caso de la migración, uno pertenece a la generación cero y otro a una generación en algunos casos muy superior.

Se intentó entonces obtener un incremento de endogamia en función de la endogamia de los animales con relación a la consanguinidad media de sus padres. Siguiendo la ecuación [1], y teniendo en cuenta la endogamia de cada individuo separadamente como valor de F_i , y para $F_i - 1$ la endogamia media de sus padres, se obtiene un tamaño efectivo de 102,1. Este valor, muy superior al encontrado anteriormente, refleja la expansión que se ha producido en la población, logrando alejar en el pasado los antecesores comunes de cada nuevo animal.

El parentesco medio

En este trabajo se aplica el cálculo de la media de los valores que aparecen en la fila de la matriz de relaciones aditivas de cada animal, que por tanto da lugar a lo que se denominan parentescos medios de cada animal con el resto de la población. En los animales de la población fundadora, estos valores representan el porcentaje de población generado por cada uno de ellos y en el resto de los animales explica la representación que cada animal tiene en la población.

Por tanto, su valor puede ser utilizado como criterio para restringir el uso de algunos animales como reproductores por estar ya muy representados en la población. De este modo el incremento de endogamia será el mínimo posible a largo plazo.

Cálculo de parentescos medios

La matriz de relaciones aditivas puede obtenerse a partir de la matriz P , que define los padres de cada animal, de la siguiente manera (Quaas, 1976, Gutiérrez et al., 1990):

$$A = (I - \frac{1}{2} P)^{-1} D (I - \frac{1}{2} P')^{-1} \quad [4]$$

siendo **D** una matriz diagonal cuyos elementos no nulos pueden ser obtenidos mediante:

$$d_{ii} = 1 - \frac{1}{4} a_{ji} - \frac{1}{4} a_{ki} \quad [5]$$

Definiremos el vector **c'** que contiene los parentescos medios como:

$$\mathbf{c}' = (1/n) \mathbf{1}' \mathbf{A} \quad [6]$$

Por otro lado, de [4] se deduce:

$$\mathbf{A} (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}') = (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D}$$

Premultiplicando por $(1/n) \mathbf{1}'$:

$$(1/n) \mathbf{1}' \mathbf{A} (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}') = (1/n) \mathbf{1}' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D}$$

Teniendo en cuenta [6]:

$$\mathbf{c}' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P}') = (1/n) \mathbf{1}' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D}$$

Multiplicando **c'** dentro del paréntesis y despejando **c'**:

$$\mathbf{c}' = (1/n) \mathbf{1}' (\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1} \mathbf{D} + \frac{1}{2} \mathbf{c}' \mathbf{P}' \quad [7]$$

Esta expresión da lugar a los parentescos medios de cada animal una vez conocidos los de sus padres. Puesto que han sido descritos algoritmos que simplifican el cálculo de $(\mathbf{I} - \frac{1}{2} \mathbf{P})^{-1}$, éstos pueden ser aplicados aquí de forma que el coste del cálculo de la expresión [7] es semejante al necesario para obtener la endogamia de los animales en la misma población.

Representación de la población base sobre el total

Los valores del vector **c'**, en los individuos de la población base, pueden ser interpretados como el porcentaje de población que es originado por cada uno de ellos.

Parece necesario encontrar una expresión que permita relativizar la representación de los animales de la población base para poder así comparar unos con otros. Desde un punto de vista intuitivo, podemos establecer un sistema de puntuación con este objetivo, asignando a cada animal un 1, por pertenecer a la población, $\frac{1}{2}$ por cada hijo

que posea en la misma, $\frac{1}{4}$ por cada nieto, y así sucesivamente. Finalmente, para poder representarlo en unidades relativas, a la puntuación total la dividimos por el número de animales que existe en la población. Los valores resultantes de esta operación coinciden con sus valores en el vector c' . Además, la suma de los valores de este vector para los animales de la población base suma 1.

La transformación de los animales con un sólo ascendiente conocido es bastante trivial a partir de los valores en c' del animal (c_i) y del padre conocido (c_j), y el valor de d_i . Así, la contribución a la población del padre desconocido se obtendría:

$$c_0 = \frac{1}{2} [(c_i - \frac{1}{2} c_j) / d_i] \quad [8]$$

Cálculo de los valores de c' en el resto de la población

Los parentescos medios tienen también utilidad en los animales que no pertenecen a la población base por poder ser utilizados como criterio reproductivo.

Para un animal con ascendencia conocida su representación en la población se obtendría de la siguiente manera: si un animal i es hijo de j y k , y j y k son animales de la población base, es fácil observar que, tanto en c_i como en c_k , por la forma de definir el vector c' , se encuentra añadido $\frac{1}{2} c_j$. Así, si a c_j y c_k les restamos $\frac{1}{2} c_j$, el valor resultante se encuentra 'libre' de la parte correspondiente al animal i , y este valor multiplicado por $\frac{1}{2}$ corresponde a las relaciones que este animal i posee con el resto de la población. Esto daría lugar a la siguiente expresión:

$$c_i = h_i + \frac{1}{2} [(c_j - \frac{1}{2} h_i) + (c_k - \frac{1}{2} h_i)] \quad [9]$$

siendo h_i el valor que se obtendría para c_i si el animal i fuera un individuo de la población base. Así si sólo se conoce un padre, por ejemplo j , la expresión [9] quedaría de la siguiente manera:

$$c_i = h_i + \frac{1}{2} (c_j - \frac{1}{2} h_i) \quad [10]$$

Operando en [9]:

$$c_i = (1 - \frac{1}{4} - \frac{1}{4}) h_i + \frac{1}{2} (c_j + c_k) \quad [11]$$

y haciendo lo mismo en [10]:

$$c_i = (1 - \frac{1}{4}) h_i + \frac{1}{2} c_j \quad [12]$$

Las expresiones [11] y [12] coinciden con los valores medios de la matriz de relaciones aditivas siempre que los padres de i , es decir, j y k sean animales no consanguíneos. En caso contrario, cuando en las expresiones [11] y [12] se sustituyen respectivamente $(1 - \frac{1}{4} - \frac{1}{4})$ y $(1 - \frac{1}{4})$ por d_i calculado según [11], los valores de c_i coinciden en todos los casos, lo que demuestra la necesidad de tener en cuenta el coeficiente de endogamia de los padres para calcular los valores del vector c' de los hijos.

Parentescos medios de la población del caballo español

En la tabla 4 se representan los parentescos medios por generación considerando el primer criterio.

Tabla 4.— Parentescos medios expresados en porcentaje por generación según su valor mínimo.

GEN	N	Parentesco Medio
0	463	1,53
1	777	4,26
2	1494	6,64
3	4288	9,26
4	10968	10,85
5	16854	11,96
6	11189	12,73
7	1207	12,99

Mientras que los animales de la población fundadora se encuentran representados por término medio entre un 1% y un 2% en un animal escogido al azar del resto de la población, los animales con siete

generaciones completas de pedigree se encuentran representados en un 13%. Los animales con más de 4 generaciones completas conocidas comparten genes con un individuo al azar de la población como si fueran hijos del mismo padre. Estos resultados muestran la escasa variabilidad genética existente en la población por lo que parece recomendable una monitorización de los apareamientos a realizar.

Situación actual de la población

En la tabla 5 se presentan los coeficientes de endogamia y los parentescos medios de los animales nacidos en los últimos quince años, lo que puede interpretarse como la situación actual de la población a efectos de endogamia actual y futura.

Tabla 5.— Valores medios de coeficientes de endogamia y parentescos medios expresados en porcentaje por año de nacimiento en los últimos quince años.

AÑO	N	Endogamia	Parentesco Medio
1980	1014	0,0858	11,35
1981	1169	0,0863	11,82
1982	1199	0,0867	11,66
1983	1293	0,0859	11,83
1984	1407	0,0885	11,83
1985	1643	0,0825	11,84
1986	1792	0,0875	11,87
1987	1996	0,0886	11,87
1988	2145	0,0873	11,92
1989	2534	0,0877	11,96
1990	2792	0,0891	11,88
1991	3052	0,0895	11,88
1992	3493	0,0882	11,84
1993	3944	0,0860	11,76
1994	4403	0,0844	11,70
1995	1791	0,0844	11,73

Puede tomarse como valor aproximado que en cada generación el coeficiente de endogamia expresado en porcentaje será la mitad del parentesco medio de la generación anterior. En la Tabla 5 se observa que los coeficientes de endogamia son muy superiores a lo que cabría esperar según indica el parentesco medio. Parece que una mejor gestión de los apareamientos basándose simultáneamente en el cruce de individuos con mínimo parentesco junto con el parentesco medio como criterio de restricción, permitiría reducir considerablemente los niveles de endogamia en el futuro.

Tamaño efectivo de población base

Un parámetro interesante para conocer el punto de partida de una población es lo que podríamos llamar tamaño efectivo de población base. Para ello se precisan los parentescos medios de los individuos de la población base, incluyendo los animales de población base desconocidos, calculando su aportación a la población según la expresión [11].

Teniendo en cuenta que los parentescos medios de la población base implican la representación de cada animal en la población, la probabilidad de que dos alelos tomados al azar de los individuos de una población procedan del mismo individuo de población base, es la suma de sus parentescos medios elevados al cuadrado. Por tanto, el número efectivo de animales de población base sería simplemente su inverso:

$$Enf = \frac{1}{nb \sum_{i=1} c_i^2}$$

siendo **nb** el número de individuos de la población base.

El tamaño efectivo de población base así calculado es menor o igual que el tamaño real de la población base. Lo interesante de este parámetro es que puede ser aumentado hasta acercarse al tamaño real de la población base, simplemente utilizando los parentescos medios como criterio para limitar la utilización de animales como reproductores.

El tamaño real de la población base sería igual al número de animales de ascendencia desconocida más un medio por el número de animales con un sólo ascendiente conocido. El tamaño real de población base, definido de esta manera, es el valor máximo de tamaño efectivo de población base que se puede alcanzar en una población.

En esta población se encontraron 2376 animales con al menos un ascendiente desconocido y un tamaño de población base real de 1938,5 individuos.

El tamaño efectivo de población base resultó ser de 44,5 lo que supone un muy bajo número de individuos que explica el tamaño efectivo mínimo por generación de 37,5 según lo visto más arriba. La expansión de la población ha permitido que el tamaño efectivo calculado de forma individual suponga en realidad un valor muy superior (102,1). Sin embargo, la ausencia de un objetivo encaminado a mantener la variabilidad genética parece la causa de que continúe el incremento de endogamia. Así, el coeficiente de endogamia medio esperado según el parentesco medio se sitúa en torno al 5,2%, mientras que el valor obtenido para este parámetro es del 7,7%.

La base de datos del Caballo Español mostró una población con un elevado conocimiento de genealogías permitiendo realizar estudios bastante rigurosos relativos a su estructura genética. Se encontraron errores de asignación de fechas de nacimiento especialmente en su establecimiento. Además de la dificultad de obtener resultados relativizados al tiempo presenta la particularidad de aceptar animales prácticamente en cualquier momento lo que impide obtener resultados muy precisos también por generación. En cualquier caso, un control de apareamientos parece hacerse necesario en esta población.

Este tipo de información sobre parentescos medios se proporciona en la actualidad a los criadores de ponis de raza Asturcón que, junto con un seguimiento del control de filiación de todos los animales que se inscriben en el Libro Genealógico, ha permitido organizar sus apareamientos con el objetivo de mantener la variabilidad genética.

BIBLIOGRAFIA

- CAÑON, J., GUTIERREZ, J.P., DUNNER, S., GOYACHE, F., VALLEJO, M., 1994. Herdbook analyses of the Asturiana beef cattle breeds. *Gen Sel Evol* 26:65-75.
- GUTIERREZ, J.P., CAÑON, J., RICO, M., 1990. Computing inbreeding coefficients in a Spanish Holstein sample. *Arch Zootec* 39:3-8.
- MALÉCOT, G., 1948. Les Mathématiques de l'Heredité. Masson, Paris.
- QUAAS, R.L., 1976. Computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix. *Biometrics*, 32: 949-953.
- WRIGHT, S., 1922. Coefficient of inbreeding and relationship. *Am Nat* 56: 330-338.