



**UNIVERSIDAD DE CHILE**  
**FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS Y PECUARIAS**  
**ESCUELA DE CIENCIAS VETERINARIAS**



**EVOLUCIÓN GENÉTICA DEL CABALLO CHILENO EN  
DOS CRIADEROS DE LA RAZA**

**FELIPE LARA HIDALGO**

Memoria para optar al Título  
Profesional de Médico Veterinario  
Departamento de Fomento de la  
Producción Animal.

**PROFESOR GUIA: VICTOR MARTINEZ MONCADA**

**Santiago, Chile**  
**2006**



**UNIVERSIDAD DE CHILE**  
**FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS Y PECUARIAS**  
**ESCUELA DE CIENCIAS VETERINARIAS**



**EVOLUCIÓN GENÉTICA DEL CABALLO CHILENO EN  
DOS CRIADEROS DE LA RAZA**

**FELIPE LARA HIDALGO**

Memoria para optar al Título  
Profesional de Médico Veterinario  
Departamento de Fomento de la  
Producción Animal.

NOTA FINAL: .....

	NOTA	FIRMA
PROFESOR GUIA : VICTOR MARTINEZ M. ....	.....	.....
PROFESOR CONSEJERO: IVAN NUÑEZ P. ....	.....	.....
PROFESOR CONSEJERO: CARLOS MAGNI D. ....	.....	.....

**Santiago, Chile**  
**2006**

Parte de la presente memoria de título ha sido publicada en el 8° Congreso Mundial de  
Genética aplicada a la Producción Animal  
“8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production”

Agosto 13-18, 2006,  
Belo Horizonte, MG, Brasil

Disponible en línea: [http://www.wcgalp8.org.br/wcgalp8/articles/paper/8\\_921-2095.pdf](http://www.wcgalp8.org.br/wcgalp8/articles/paper/8_921-2095.pdf)

# Índice

	Pág.
<b>Resumen</b>	5
<b>Summary</b>	6
<b>Introducción</b>	7
1. Revisión Bibliográfica	9
1.1. Estudio de la estructura genética de las poblaciones y su variabilidad genética:	9
1.1.1. Medición de la consanguinidad:	10
1.1.2. Medición de la coancestría:	11
1.1.3. Teoría de las contribuciones genéticas:	12
1.1.4. Número efectivo de fundadores ( $F_e$ ):	12
1.1.5. Número efectivo de ancestros ( $F_a$ ):	13
1.1.6. Número efectivo de genomas fundadores ( $F_g$ ):	13
1.2. Estudios de la estructura genética poblacional en el Caballo Chileno y en otras razas de la especie:	14
<b>2. Objetivos</b>	17
2.1. Objetivos generales:	17
2.2. Objetivos específicos:	17
<b>3. Hipótesis</b>	18
<b>4. Materiales y Métodos</b>	19
4.1. Caracterización de la población:	20
4.2. Estimación de parámetros poblacionales:	21
4.2.1. Intervalo Generacional:	21
4.2.2. Coeficiente de Consanguinidad, Parentesco y Coancestría:	22
4.2.3. Contribuciones genéticas:	23
<b>5. Resultados</b>	27
5.1. Descripción de la población:	27
5.2.1. Intervalo Generacional:	31
5.2.2. Coeficiente de consanguinidad:	34
5.2.3. Coeficiente de parentesco:	38
5.2.4. Contribuciones Genéticas:	39
5.2.4.1. Asimetría de las contribuciones:	39
5.2.4.2. Estabilización de las contribuciones:	40
5.2.6. Número efectivo de fundadores ( $F_e$ ), número efectivo de ancestros ( $F_a$ ) y número efectivo de genomas fundadores ( $F_g$ ):	49
<b>6. Discusión</b>	53
6.1. Variabilidad genética en el Caballo Chileno	53
6.2. Evolución de la variabilidad utilizando información de pedigrí	54
6.3. Variabilidad actual	55
6.4. Utilización de las contribuciones genéticas en decisiones de selección	57
<b>7. Conclusiones</b>	60
<b>Anexo</b>	61
<b>Bibliografía</b>	69

## Resumen

El Caballo Chileno es la raza equina más antigua de América del Sur, permaneciendo como una población cerrada desde 1893. Por ello resulta de interés, determinar la variabilidad genética y la contribución genética de los fundadores en esta raza, para desarrollar una estrategia de conservación futura. Para esto se analizaron dos criaderos de importancia para la raza, con 5.820 y 1.008 individuos cada uno, con una profundidad en el pedigrí de 10 generaciones equivalentes, utilizando análisis de pedigrí y la teoría de las contribuciones genéticas.

El intervalo generacional fue levemente superior al de otras razas de la especie (13,6 años), siendo él de las hembras más largo dado que, a diferencia de los machos, estas eran mantenidas en los criaderos durante toda su vida reproductiva.

Respecto al coeficiente de parentesco, se observó en el Criadero 1 un incremento de aproximadamente 5,6% (por generación) en las primeras 7 generaciones, para luego presentar una abrupta caída estabilizándose entorno al 25%; debido a que el Criadero 2, fue formado con animales emparentados entre si, el coeficiente de parentesco desde un inicio es de un 20%, el cual no presenta un aumento significativo en el transcurso de las generaciones, situación explicada por la constante incorporación de reproductores de otros criaderos.

El incremento del Coeficiente de Consanguinidad ( $\Delta F$ ) anual fue 0,086%, 0,018% y el Número Efectivo ( $N_e$ ) fue 48 y 185 individuos para los criaderos 1 y 2, respectivamente. Las Contribuciones Genéticas de los fundadores fueron altamente asimétricas, con un pequeño número de individuos que contribuyen con el 50% del pool génico.

Es posible concluir que ha existido una importante disminución en la variabilidad genética de la raza. Lo cual está principalmente explicado por el uso de un reducido número de reproductores después de la formación de la población base. Con el fin de realizar un adecuado manejo de la diversidad genética de la raza, es de interés realizar futuras investigaciones orientadas a determinar la variabilidad genética dentro de la raza en su conjunto y establecer el impacto que tendría el cambio de las políticas de cruzamiento, tendientes a disminuir la pérdida de variabilidad de esta raza única en el mundo.

## Summary

The “Caballo Chileno” is the oldest horse breed of South America. It has been closed since 1893 and there is concern about loss of genetic variability. In this work, two important studs of the breed, with 5820 and 1008 individuals, with a pedigree length of 10 equivalent generations were analyzed. The analysis was made using the genetic contribution theory and these results were compared with the conventional inbreeding coefficient analysis using the pedigree.

The generation intervals were slightly longer than other breeds (13.6 years), and the generation interval of females was larger, because mare’s were culled only due to reproductive failure. The average relatedness in the Stud 1, has a trend of 5.6% (per generation) in the first seven generations, after this the relatedness has a sudden decline, with a relatedness of about 25%. Due to the fact that the Stud 2, was formed using individuals that were related to a certain extent, the initial relatedness was about 20% and did not increase with an increasing number of generations. This is mostly explained by the constant migrations of breeders from other studs.

The rate of inbreeding ( $\Delta F$ ) per year was 0.086%, 0.018%, giving an effective population number ( $N_e$ ) of 43 and 185 individuals for Stud 1 and 2, respectively. The genetic contributions of founders were highly skewed with a small number of founders contributing with the 50% of the genetic pool.

It can be concluded that there was an important decrease in the genetic variability of this breed. This is mostly explained by the use of only a reduced number of breeders after forming the base population. In order to properly manage the genetic diversity, further investigation is required to determine to what is the level of genetic variability in the breed, and what is the impact of changing the mating policy, in order to decrease further the loss of genetic variability of this unique animal genetic Chilean resource population.

## Introducción

Los esquemas de cría en cualquier población animal no sólo deben procurar una mejora en el mérito genético de la población, sino también, deben cuidar y proteger la variabilidad genética, dado que ésta, en una población finita, puede disminuir debido a procesos de deriva génica, cuellos de botella y selección.

Cuando una población finita se comienza a reproducir, inevitablemente se producirá pérdida de variabilidad genética debido a la deriva génica pues, al producirse el muestreo de gametos algunos alelos no pasarán a la próxima generación. La presencia de cuellos de botellas durante el desarrollo del pedigrí, provocarán una extensa pérdida de alelos, debido a que solo algunos individuos traspasarán sus alelos a la siguiente generación. Por otra parte, al seleccionar animales con relación a un objetivo, se producirá una asociación entre las contribuciones genéticas de los ancestros y la de sus descendientes, privilegiando así determinadas líneas genéticas, esto en el largo plazo, en una población finita y cerrada, producirá cruzamientos entre ejemplares emparentados entre sí (Woolliams y Thompson, 1994).

Si la pérdida de variabilidad genética es extensa, inevitablemente la consanguinidad llegará a niveles peligrosos y se producirá depresión endogámica o se generará un punto en el cual no se podrá avanzar en el proceso de selección, debido a que todos los animales dentro de la población serán muy similares genéticamente.

Por las razones anteriores, es importante revisar estos aspectos en poblaciones cerradas de animales, pues el conocimiento de la diversidad genética de una población es la base para una efectiva selección y/o conservación (Gutiérrez *et al.* 2003).

Considerando que el Caballo Chileno es una raza única que se ha mantenido cerrada por más de 110 años, la cual posee los registros más antiguos de América, entonces resulta de gran interés determinar el desarrollo de su estructura poblacional y el nivel de variabilidad genética presente, ya que a la fecha esta información es escasa. Esto, en la actualidad cobra importancia debido a que la cría del Caballo Chileno y el Rodeo generan una importante actividad económica, además el Caballo Chileno es parte del patrimonio cultural del país, siendo la única raza animal propia junto al Caballo Chilote.

La presente memoria de título tiene por objetivo principal, estudiar la estructura poblacional de dos criaderos de Caballos Chilenos connotados de la historia de esta raza y el flujo de genes que ha existido en ellos. El logro de este propósito, permitirá establecer cómo han evolucionado a través del tiempo.



## 1. Revisión Bibliográfica

### 1.1. Estudio de la estructura genética de las poblaciones y su variabilidad genética:

La estructura genética de una población influye directamente en la variabilidad genética de ésta, por lo que todos los estudios de la estructura genética poblacional se realizan a través de la determinación de la variabilidad genética pues, al pesquisar los cambios de ésta, tanto en su dirección como magnitud, es posible inferir de qué forma se está desarrollando la población (Lynch y Walsh, 1998).

La importancia y utilidad de medir la variabilidad genética en una población radica en que el conocimiento de su diversidad genética es la base para una efectiva selección y/o conservación (Gutiérrez *et al.* 2003).

La variabilidad genética se puede estudiar a partir de la estimación de la varianza genética de características cuantitativas, el análisis del pedigrí o por medio de marcadores moleculares (Gutiérrez *et al.*, 2003).

Dentro de las tres fuentes de información que permiten medir la variabilidad genética, el pedigrí es una de las más usadas, ya que entrega una medida promedio del cambio relativo de la variabilidad genética. Los marcadores moleculares, en cambio, entregan información relativa solo a los loci en estudio, por lo tanto es difícil contar con una descripción detallada de lo que sucede en otras zonas del genoma, por lo cual esta estimación no es extrapolable al resto del genoma. El estudio a través de una característica cuantitativa por otra parte, sólo representa la varianza genética de una característica en particular y no del genoma completo. De acuerdo a esto, en los casos que se dispone del pedigrí completo de la población, el estudio de este resulta ser la herramienta más ventajosa, desde un punto de vista de la interpretación, para determinar la variabilidad genética.

La literatura señala la existencia de numerosas formas de medir la variabilidad genética a través del pedigrí, pero todas coinciden en dos puntos esenciales:

Primero, el parentesco sólo puede ser definido dentro de un marco de referencia pues, técnicamente hablando, todos los miembros de una especie o población son parientes entre sí.

Segundo, todas las medidas de semejanza entre parientes se basan en el concepto de identidad por descendencia, esto significa que un gen es idéntico a otro porque los dos provienen de un ancestro en común. Esto hay que diferenciarlo de la identidad por estado, que alude, en cambio, a que dos genes tengan una secuencia nucleotídica idéntica, pero no provienen de la misma copia (Lynch y Walsh, 1998).

Un número poblacional finito y la selección, son los dos factores más importantes que afectan la estructura de una población (Safari y James, 2002a). La consecuencia genética de un número finito poblacional es la reducción de la heterocigocidad en cualquier locus, dada por la mayor probabilidad de pérdida de alelos que se produce durante el muestreo de gametos y por la mayor probabilidad que se produzcan cruzamientos entre parientes; por otro lado, la selección producirá asociación entre las contribuciones de los ancestros y los descendientes tal como fue demostrado por James y McBride (1958). Ello debido a que los descendientes de los individuos seleccionados poseerán una ventaja selectiva dentro de la población y tenderán a imitar la contribución genética de sus ancestros en las próximas generaciones.

Diversos autores se limitan a estudiar sólo el coeficiente de consanguinidad y el tamaño efectivo poblacional (Falconer y Mackay, 1996); sin embargo, existen otras herramientas que explican la pérdida de variabilidad genética debido a los procesos de deriva génica, pérdida de alelos debido a procesos selectivos “cuellos de botella” y contribuciones genéticas asimétricas, a través del flujo de genes como: el coeficiente de coancestría promedio (Ballou y Lacy, 1995), las contribuciones genéticas (James y McBride, 1958), el número efectivo de fundadores (Lacy, 1989), el número efectivo de ancestros (Boichard, 1997) y el número efectivo de genomas fundadores (Lacy, 1989). Estas herramientas permiten de forma más exhaustiva la conservación y desarrollo de especies domésticas.

#### 1.1.1. **Medición de la consanguinidad:**

El coeficiente de consanguinidad,  $f_z$ , se define como la probabilidad de encontrar dos genes en cualquier locus de un individuo que sean idénticos por descendencia (Falconer y Mackay, 1996).

En poblaciones finitas, los cambios en los niveles de consanguinidad deben ser evaluados principalmente por dos razones. Primero, por la depresión endogámica, dado que, la performance de los individuos decrecerá si hay dominancia direccional y, segundo, porque la varianza genética decrece debido al incremento en la consanguinidad (Falconer y Mackay, 1996).

Diversas investigaciones apuntan a las desventajas de utilizar el coeficiente de consanguinidad para medir la evolución de la variabilidad genética (Jones 1969a; Chevalet y De Rochambeau 1985; Verrier et al. 1994; Boichard et al. 1997, en Safari y James, 2002b). La principal, es que el coeficiente de consanguinidad no describe aspectos relacionados con el número de ancestros que permanecen representados en las actuales generaciones, o qué porcentaje de genes de fundadores permanecen en la población. Sólo expresa lo que ha sucedido a través de las generaciones en la población y no el potencial de la población, por lo que no es posible desarrollar herramientas para establecer un plan de conservación, a partir del coeficiente de consanguinidad.

#### 1.1.2. **Medición de la coancestría:**

El coeficiente de coancestría,  $\Theta_{XY}$ , se define como la probabilidad que, genes provenientes de dos individuos X e Y sean idénticos por descendencia. El coeficiente de coancestría entre dos padres es igual al coeficiente de consanguinidad,  $f_Z$ , de su hijo ( $\Theta_{XY} = f_Z$ ). La distribución de los coeficientes de coancestría en la población, permiten determinar la estructura genética de la población, el potencial de mantener su variabilidad genética y qué tipo de cruzamientos serán necesarios para no perder variabilidad genética actual (Ballou y Lacy, 1995).

La coancestría poblacional tiende a ser mayor cuando todos los animales se encuentran emparentados y no existe posibilidad de cruzar animales que no estén emparentados. No obstante, poblaciones con un bajo nivel de coancestría pueden presentar un alto nivel de consanguinidad, lo que sugiere que se están realizando los cruzamientos dentro de subpoblaciones (Gutiérrez *et al.*, 2003). La coancestría y su distribución proporcionan una información más relevante que el coeficiente de consanguinidad, pues éste último es un parámetro estático y sólo da cuenta del aumento o disminución de la consanguinidad, mostrando lo que sucedió en la población, pero no define el potencial existente para manejar la consanguinidad. Por estas razones, es que este coeficiente es una herramienta útil para recuperar o preservar una raza, a través de la optimización de las contribuciones genéticas de los fundadores (Toro y Mäki-Tanila, 1999).

### 1.1.3. Teoría de las contribuciones genéticas:

El concepto de las contribuciones genéticas introducido por James y McBride (1958) se define como la proporción de genes del pool génico poblacional actual proveniente de un fundador o algún ancestro (Lacy, 1989). Fundador es aquel animal sin ningún padre conocido que contribuyó al pool genético inicial de la población base.

James y McBride (1958) sugieren que las contribuciones genéticas pueden ser usadas para interpretar los efectos genéticos de la selección, pues los cambios en las contribuciones genéticas a lo largo de las generaciones se pueden separar en diferentes componentes: Deriva génica, Selección artificial y Selección natural (Safari y James, 2002b).

Además, cuando las contribuciones genéticas se estabilizan es posible predecir la tendencia de consanguinidad ( $\Delta F$ ) asintótica (Woolliams y Thompson, 1994).

### 1.1.4. Número efectivo de fundadores ( $F_e$ ):

Este parámetro desarrollado por Lacy (1989), se deriva de las contribuciones genéticas de los fundadores y se define como el número de fundadores que, contribuyendo en la misma proporción, son necesarios para explicar la variabilidad genética actual de la población.

El número efectivo de fundadores tiene una utilidad limitada, debido a que luego de converger las contribuciones genéticas (5 ó 7 generaciones) (Bijma y Woolliams, 1999), el número efectivo de fundadores se mantiene constante sin considerar qué es lo que suceda con la población en forma posterior, como por ejemplo cuando han ocurrido cuellos de botella.

El  $F_e$ , por sí sólo, no es un buen estimador de variabilidad genética cuando las contribuciones genéticas de los fundadores se han estabilizado. No así si es comparado con el tamaño efectivo poblacional ( $N_e$ ), el número efectivo de ancestros ( $F_a$ ) o con el número efectivo de genomas fundadores ( $F_g$ ). Se espera que el número efectivo de fundadores sea la mitad del tamaño efectivo poblacional, en una población con mínima consanguinidad (Sorensen *et al.* 2005).

#### 1.1.5. **Número efectivo de ancestros ( $F_a$ ):**

Este parámetro desarrollado por Boichard *et al.* (1997) tiene como objetivo superar el problema que tiene el número efectivo de fundadores de no medir cuellos de botella recientes que se producen en la población. El número efectivo de ancestros determina el número de ancestros, necesarios para explicar la variabilidad genética actual de la población (Boichard, *et al.* 1997). Ancestro se define como cualquier individuo, fundador o no, presente en el pedigrí que contribuyó al pool génico actual. El cálculo se realiza sobre la base de las contribuciones marginales de cada ancestro y no sólo por las contribuciones de los fundadores como el parámetro anterior.

#### 1.1.6. **Número efectivo de genomas fundadores ( $F_g$ ):**

Este parámetro representa el número de fundadores necesarios para producir la variabilidad genética actual, si las contribuciones genéticas de todos los ancestros fueran iguales y no existiese deriva génica (Lacy, 1989). El cálculo del número efectivo de genomas fundadores es similar al número efectivo de fundadores, pero, la contribución de cada fundador se corrige por la probabilidad de pérdida de su genoma debido a la deriva génica.

## 1.2. Estudios de la estructura genética poblacional en el Caballo Chileno y en otras razas de la especie:

Los estudios existentes en el Caballo Chileno han medido el nivel de parentesco y consanguinidad en la raza, pero no hay estudios realizados a partir de las contribuciones genéticas ancestrales. Los niveles de consanguinidad encontrados en estos estudios no son altos. Porte *et al.* (1985) en una muestra de 703 reproductores connotados de la raza, obtuvo un valor de 2,59%. Luego, Porte y Mansilla (1991) utilizando toda la población nacida entre 1893 y 1987 obtuvo un 1,25%. Porte *et al.* (2000) para el período de 1893 a 1997 encontró un coeficiente de consanguinidad de 1,84%, la distribución de los valores no seguía una distribución normal sino que habían muchos individuos con consanguinidad cero y unos pocos con coeficientes altos. En cuanto al coeficiente de parentesco los cálculos fueron hechos dentro de familias y no para el total de la raza.

Estudios más recientes en otras razas de la especie incluyen información tanto de los coeficientes de consanguinidad como de las contribuciones genéticas de los fundadores y todos los parámetros que se derivan de ellas. Valera *et al.* 2005 en un estudio en caballos Andaluces encontró, en la última generación, un coeficiente de consanguinidad de 8,48% y un 12,25% de coeficiente de parentesco, con lo que determinó que sólo 6 ancestros explicaban el 50% de la variabilidad genética de la población, también calculó el número efectivo de fundadores y de ancestros siendo 39,6 y 27 respectivamente. Zechner *et al.* 2002, en caballos Lipizzanos obtuvo un coeficiente de consanguinidad promedio de 10,8%, en la última generación. En este trabajo también se calculó el número efectivo de fundadores, el cual fluctuó entre 40 y 55 en los distintos criaderos, el número efectivo de ancestros, se encontró entre 12 y 25 en los distintos criaderos, y el número efectivo de genomas fundadores se mantuvo entre 3 y 6. Glazewska y Jezierski 2004, en caballos Árabes en Polonia encontró una gran asimetría en las contribuciones de los fundadores, las que varían de < 0,005% a 7,96%, donde 4 fundadores contribuían en un 25% al pool génico actual y los coeficientes de consanguinidad variaban de un 3 a un 5% según el período. Biedermann y Schorter (2003), en caballos Black Forest determinaron un coeficiente de consanguinidad promedio de 6,3% con un 15,6% de coeficiente de parentesco promedio. Cunningham (1991) determinó que el 50,3% del pool génico de los caballos Fina Sangre Inglés provienen de 10 potros fundadores, y sólo 4 son responsables del 32,5% del pool génico. Posteriormente Cunningham *et al.* (2001), determinó que

las contribuciones genéticas de los fundadores eran muy asimétricas, pues el potro más influyente aportaba con el 13% del pool génico, y las contribuciones de los 10 animales más influyentes eran prácticamente idénticas desde el año 1700, por otra parte el número efectivo de ancestros fue de 28,15.

A continuación se resumen los coeficientes de consanguinidad de distintas poblaciones de caballos con el respectivo número de generaciones que incluyó cada estudio (Tabla 1).

Tabla 1: Resumen de niveles de consanguinidad en distintas razas de caballos.

Raza	Consanguinidad**	Generaciones	$\Delta F$ ****	Cita
Andaluz	8,48	10*	0,84	Valera <i>et al.</i> 2004
Árabe Polaco	3 a 5	5 a 18	0,6 a 0,27	Glazewska y Jezierski 2004
Black Forest	6,3	5	1,26	Biedermann y Schorter 2003
C. Chileno	2,59 +- 4,02	no especificado	no calculado	Porte <i>et al.</i> 1985
C. Chileno	1,25 +- 3,55	no especificado	no calculado	Porte y Mansilla 1991
C. Chileno	1,84 +- 3,97	no especificado	no calculado	Porte <i>et al.</i> 2000
C. de Tiro Irlandés	0,86	8	0,1	O'Tolle <i>et al.</i> 2001
Cuarto de milla	1,3 a 2,6	no especificado	no calculado	Tunnell <i>et al.</i> 1983
F.S.I.	12,5	21	0,59	Mahon y Cunningham 1982
Haflinger Italiano	6,59	no especificado	no calculado	Gandini <i>et al.</i> 1992 ***
Lipizzano	10,8	15,2 *	0.71	Zechner <i>et al.</i> 2002
Lipizzano	10,3	15,07 *	0.68	Curik <i>et al.</i> 2003
Standardbred N. Americano	8,99	no especificado	no calculado	Mc.Clure <i>et al.</i> 1983 ***
Standardbred Sueco	2,26	no especificado	no calculado	Ström 1982 ***
Trotón Noruego	5,83	no especificado	no calculado	Klemetsdal 1993 ***

\*Generaciones equivalentes (Woolliams y Mäntysaari 1995). \*\*Consanguinidad en el último período en estudio. \*\*\*En Curik *et al.* 2003. \*\*\*\*  $\Delta F$  por generación, calculado por medio de la división de la consanguinidad en la última generación por el número de generaciones.

Dado que el cálculo del coeficiente de consanguinidad, es una medida relativa a una población base de animales teóricamente no consanguíneos ni emparentados entre si, es que este coeficiente depende fuertemente de la cantidad de generaciones y la pérdida de información en cada generación desde la población en estudio y la población base. Por lo anterior es que la comparación entre distintas poblaciones se debe realizar con precaución.



## 2. Objetivos

### 2.1. Objetivos generales:

Determinar la estructura poblacional y el nivel de variabilidad genética de 2 criaderos de Caballos Chilenos, y cuantificar el intercambio genético que ha existido entre ellos a través del tiempo utilizando la teoría de las contribuciones genéticas

### 2.2. Objetivos específicos:

- Determinar el intervalo generacional de cada criadero.
- Determinar los coeficientes de coancestría de los animales que han sido mantenidos por los distintos criaderos de Caballos Chilenos.
- Establecer si los cruzamientos a través del tiempo han producido pérdida de variabilidad genética.
- Determinar las contribuciones genéticas de los animales fundadores a través del tiempo.
- Determinar los coeficientes de consanguinidad y su  $\Delta F$  para cada criadero y toda la población.
- Determinar el número efectivo poblacional, el número efectivo de fundadores, el número efectivo de genomas fundadores y el número efectivo de ancestros dentro de cada criadero.

### **3. Hipótesis**

Debido a la tendencia que existe dentro de los criadores a mantener sólo ciertas líneas genéticas, utilizando deliberadamente cruzamientos entre parientes (en consanguinidad), se espera encontrar un bajo nivel de variabilidad genética, un alto nivel de consanguinidad y parentesco dentro de los dos criaderos más importantes de la raza.

#### 4. Materiales y Métodos

El material utilizado en este trabajo fue proporcionado por la Federación de Criadores de Caballos Chilenos a través de la base de datos que se encuentra en la página Web [www.Caballoyrodeo.cl](http://www.Caballoyrodeo.cl) y el Stud Book de la raza. Estas dos bases de datos contienen el pedigrí completo de cada animal inscrito en la raza con la siguiente información: Número Individuo, Número de Padre, Número de Madre, Sexo, Año Nacimiento, Criadero y Color.

De estas fuentes se analizarán 2 criaderos de importancia, seleccionados principalmente por su tamaño poblacional a través del tiempo. No se utilizará un mayor número de criaderos, debido a que la gran mayoría (95,7%) posee menos de 10 productos inscritos (Porte, 2005<sup>1</sup>).

Los 3518 animales pertenecientes a los dos criaderos fueron recopilados desde la base de datos de la página Web [www.Caballoyrodeo.cl](http://www.Caballoyrodeo.cl), luego sus ancestros, 2302 animales, fueron digitados desde el Stud Book. La información del Stud Book se utilizó también en la reparación de los errores (590 aproximadamente) de la base de datos de [www.Caballoyrodeo.cl](http://www.Caballoyrodeo.cl).

Para referirnos a los criaderos, los nombraremos como Criadero 1 y 2. El Criadero 1 es el más antiguo, el cual se formó en 1861, pero la crianza comenzó desde mucho antes, esta fecha es con anterioridad a la fecha de inicio del Stud Book de la raza (1893), no obstante el análisis se hará sólo con los animales presentes en el Stud Book debido a que no se poseen antecedentes de las épocas anteriores. Este criadero posee un cambio de dueños en el año 1968. El Criadero 2 registra por su parte sus primeros animales en 1945.

Es así, como el Criadero 1 tendrá 2510 animales nacidos entre los años 1812 y 2001 y, el Criadero 2 poseerá 1008 animales nacidos entre 1945 y 2002.

**Estimación Poblacional:** Dado que se trazó la genealogía completa de cada animal, la base de datos posee animales de otros criaderos que contribuyeron a los criaderos en estudio, por lo que se contó con una base de datos de 5820 animales en total. Además de tener los dos criaderos como base de estudio tendremos la población total, que si bien es cierto no representa a toda la población existente de la raza, de igual forma, permite calcular algunos parámetros poblacionales para comparar su comportamiento con el de los criaderos en estudio, a través del tiempo.

---

<sup>1</sup> Porte 2005, Profesor Emérito U. de Chile, Lastarrias 179 Dep. 41, Santiago.

#### 4.1. Caracterización de la población:

Antes de realizar las estimaciones de los parámetros poblacionales se realizó una caracterización de las dos poblaciones, pues así es posible explicar mejor las variaciones en los parámetros poblacionales de cada criadero en estudio. Para esto, primero se determinó cuantos animales nacidos por año tenía cada criadero y la relación machos/hembras nacidos por año. Luego se estableció el número de generaciones equivalentes (Fórmula 1), para los machos y hembras nacidos en cada año. Las generaciones equivalentes es la proporción de generaciones completas que se conoce de cada individuo (Woolliams y Mäntysaari, 1995).

$$T = \log_2 N$$

Fórmula 1

Donde:

T: Generaciones equivalentes.

N: Es el número de ancestros desconocidos de la pobl. de referencia.

Para determinar cuan cerrados eran los criaderos y cuál era la intensidad selectiva dentro del criadero en la población de machos y hembras, se calculó el número de padres y madres nacidos en el criadero y fuera de él, la cantidad de progenie que dejó cada grupo, y se estableció la proporción de machos y hembras que dejaban progenie dentro del criadero. En relación a la cantidad de progenie que tiene cada individuo, se calculó el número de hijos por padre y por madre.

## 4.2. Estimación de parámetros poblacionales:

### 4.2.1. Intervalo Generacional:

Se definió el intervalo generacional en cada criadero, con la finalidad de comparar estos valores con otras razas y para que los distintos parámetros sean comparables entre los criaderos utilizados en el presente trabajo. Para ello, el intervalo generacional se calculó de dos formas; primero, por el método tradicional establecido por Falconer y Mackay (1996), el cual es la edad promedio de los padres cuando sus hijos dejan progenie, para el cálculo de este se ocupó sólo la proporción de individuos del criadero que dejaron progenie. El segundo método utilizado fue el de las contribuciones genéticas definido por Bijma y Woolliams (1999), utilizando la siguiente fórmula (Fórmula 2):

$$L = \frac{1}{\sum r_{ij}}$$

Fórmula 2

Donde:

L: intervalo generacional

$r_{ij}$  : Contribución del *i*-ésimo ancestro en el *j*-ésimo año.

El intervalo calculado utilizando las contribuciones genéticas se hizo tomando dos años de referencia para cada criadero, en los cuales se estableció la contribución que hacen los distintos ancestros agrupados por su año de nacimiento. A la contribución de cada grupo se le aplicó la fórmula desarrollada por Bijma y Woolliams (1999) para determinar el intervalo generacional de cada grupo, y luego estos valores fueron promediados, no incorporando intervalos generacionales, mayores al límite fisiológico de la especie, bajo 2 restricciones; 1) Sólo se consideraron los grupos que estaban dentro de un rango, dado por el límite superior del intervalo calculado por el método tradicional, el que fue entre 3 y 30 años; 2) sólo se utilizaron los grupos que poseían más de 1 animal.

Los años de referencia utilizados para el criadero 1 fueron 1948 y 1983, para el criadero 2 fueron 1961 y 1993 y para toda la población fueron 1916 y 1948, la elección de estos años se basó principalmente por la mayor cantidad de animales nacidos en esos años.

El intervalo definido por las contribuciones es el que se utilizó para definir los intervalos de tiempo de las mediciones de los parámetros poblacionales. El intervalo tradicional se calculó para comparar los dos métodos.

#### 4.2.2. Coeficiente de Consanguinidad, Parentesco y Coancestría:

La consanguinidad de toda la población y de cada criadero se calculó a través del método descrito por Meuwissen y Lou (1992).

Para el cálculo del parentesco de cada par de individuos dentro y entre criadero, se utilizó el método tabular, utilizando la siguiente formula (Fórmula 3):

$$\Theta_{ij} = \frac{1}{2} (\Theta_{ih} + \Theta_{ig})$$

Fórmula 3

Donde:

$\Theta_{ij}$  : Es el parentesco entre  $i$  y  $j$ .

$\Theta_{ih}$  : Es el parentesco entre  $i$  y el padre de  $j$  ( $h$ ).

$\Theta_{ig}$  : Es el parentesco entre  $i$  y la madre de  $j$  ( $g$ ).

El cálculo del parentesco entre 2 individuos es igual al promedio del parentesco entre los padres de un individuo con el otro. Para determinar los coeficientes de parentesco y coancestría

promedio no se incluyó el coeficiente de parentesco o coancestría de un individuo consigo mismo en el cálculo del promedio.

A partir de los coeficientes de consanguinidad se calculó el  $\Delta F$  anual y por generación, asumiendo una relación lineal entre los promedios de consanguinidad y los períodos en estudio.

El tamaño efectivo ( $N_e$ ) se calculó con el  $\Delta F$  generacional de cada criadero (Falconer y Mackay, 1996), utilizando la siguiente fórmula (Fórmula 4):

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

Fórmula 4

Donde:

$\Delta F$ : Cambio en el coeficiente de consanguinidad por generación.

Asimismo se calculó el coeficiente de consanguinidad utilizando sólo 2, 3 y 4 generaciones hacia atrás, con el objetivo de determinar la proporción de individuos consanguíneos producto de cruzamientos entre individuos cercanamente emparentados. Lo que indica la frecuencia con que se realizan este tipo de cruzamientos.

#### 4.2.3. Contribuciones genéticas:

El análisis dentro de los criaderos utilizando las contribuciones genéticas de los fundadores, se realizó para determinar la asimetría de las contribuciones a través de las generaciones y para identificar a los fundadores genéticamente más influyentes en cada criadero y su contribución en las distintas generaciones. Así como también para estimar cuando las contribuciones genéticas se estabilizan, dado la implicancia que tiene este fenómeno en la estimación del  $\Delta F$ , y del valor como estimador de la variabilidad genética que posee el  $\Delta F$  estimado y el Número efectivo de fundadores.

La población de animales fundadores se definió como los individuos de los que no se conocen sus padres. La contribución genética de cada fundador se determinó promediando los coeficientes

de parentesco del fundador con los individuos de la población de referencia (James y McBride 1958), utilizando la siguiente formula (Fórmula 5):

$$r_i = \frac{\sum_{j=1}^N \Theta_{ij}}{N}$$

Donde:

Fórmula 5

$r_i$  : Contribución genética del *i-ésimo* fundador.

$\Theta_{ij}$  : es el parentesco entre el *i-ésimo* fundador y el *j-ésimo* individuo.

$N$  : Número de individuos de la población de referencia.

Para determinar cuán asimétricas son las contribuciones en cada generación, se gráfico la contribución acumulada desde el fundador con mayor contribución al con menor contribución, y se estableció el número de individuos que contribuyen con el 50% del pool génico.

Por medio de las contribuciones genéticas se calculó el  $\Delta F$  por generación según Woolliams y Thompson (1994), utilizando la siguiente fórmula (Fórmula 6):

$$\Delta F = 1/4 \sum r_i^2$$

Donde:

Fórmula 6

$\Delta F$ : Cambio en el coeficiente de consanguinidad por generación.

$r_i$  : Contribución del *i-ésimo* fundador.

El  $\Delta F$  calculado utilizando las contribuciones genéticas, estima de mejor forma el nivel de variabilidad genética (Sanchez *et. al.*, 1999), cuando las contribuciones genéticas no se han



estabilizado. Ello debido a que expresa la magnitud de la asimetría de las contribuciones genéticas y la variabilidad genética potencial de la población, lo que no ocurre con el  $\Delta F$  calculado por la regresión.

Luego se utilizó las contribuciones genéticas para determinar el número efectivo de fundadores, el número efectivo de ancestros y el número efectivo de genomas fundadores, de manera de estimar la magnitud y pérdida de variabilidad genética.

El número efectivo de fundadores (Lacy, 1989) se calculó utilizando de la siguiente forma, (Fórmula 7):

$$F_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f r_i^2}$$

Fórmula 7

Donde:

$F_e$  : Número efectivo de fundadores.

$r_i$  : Contribución del  $i$ -ésimo fundador.

El número efectivo de ancestros se calculó por la fórmula desarrollada por Boichard (1997), (Fórmula 8).

$$F_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^f p_k^2}$$

Fórmula 8

Donde:

$F_a$  : Número efectivo de ancestros.

$p_k$  : Es la contribución marginal del  $k$ -ésimo ancestro.

Las contribuciones marginales, necesarias para el cálculo del número efectivo de ancestros, se calcularon por medio del algoritmo diseñado por Boichard (1997).

El número efectivo de genomas fundadores se calculo por la fórmula determinada por Lacy (1989), (Fórmula 9):

$$F_g = \frac{1}{\sum \left( \frac{r_i^2}{q_i} \right)}$$

Donde:

Fórmula 9

$F_g$  : Número efectivo de genomas fundadores.

$r_i$  : Contribución del  $i$ -ésimo fundador.

$q_i$  : Proporción de alelos del  $i$ -ésimo fundador retenidos en la población de referencia.

La proporción de alelos del fundador  $i$ -ésimo retenidos por su descendencia se calculó por medio del “Gene drop” (Boichard, 1997), lo cual consiste en asignar dos alelos a cada fundador y simular la segregación de los alelos a través del pedigrí según las leyes mendelianas, esto determina que proporción de alelos se van perdiendo o reteniendo en la población.

Para determinar la magnitud de la pérdida de la variabilidad genética se determinó la relación que existe entre el número de genomas fundadores en la última generación y el número de fundadores iniciales, bajo el supuesto que la población de fundadores no se encontraba emparentada entre sí (Lacy, 1989).

La presencia de cuellos de botellas se estableció por el cuociente entre el número efectivo de fundadores y el número efectivo de ancestros, y la magnitud de la deriva génica por el cuociente entre número efectivo de fundadores y el número efectivo de genomas fundadores (Boichard, 1997).

Para el análisis y cálculo de los parámetros se utilizó el programa PEDIG disponible en la página Web. <http://dga.jouy.inra.fr/sgqa/diffusions/pedig/pedigE.htm> e implementado en el servidor [www.genetica\\_animal.uchile.cl](http://www.genetica_animal.uchile.cl), de la Unidad de Genética Animal del Departamento de Fomento de la Producción Animal.

## 5. Resultados

### 5.1. Descripción de la población:

A continuación se describe la población, de acuerdo al número de individuos, número de fundadores, cantidad de animales nacidos por año, relación de machos y hembras nacidos por año, el número de generaciones trazadas.

#### Criadero 1:

Como se mencionó, este criadero posee 2510 animales, de los cuales 917 son machos y 1593 son hembras. El número de fundadores totales es de 367 animales, 81 son machos y 286 son hembras, de los cuales sólo 159 contribuyen en la primera generación. Luego, el resto de ellos se ha ido incorporando en las siguientes generaciones, a través de sus descendientes, los cuales han sido llevados al criadero en forma paulatina.

A lo largo de todo el período de estudio el número total de animales nacidos por año es fluctuante (Anexo; Gráfico 1). En los años posteriores a 1885 y hasta 1910, el número de nacimientos es muy bajo dado que, sólo algunos animales del criadero fueron aceptados en el Stud. En adelante el número de animales nacidos por año se mantiene entre 20 y 40 hasta 1958. Luego, hay una fuerte baja en el número de animales, posiblemente debido a las consecuencias de la Reforma Agraria ocurrida en nuestro país entre los años 1962 y 1973 y al cambio de dueño del año 1968 (Porte, 2005<sup>2</sup>). Posteriormente, el número de animales comienza a aumentar hasta 1984, momento en el cual nuevamente hay una gran disminución, registrándose en los últimos años sólo un reducido número de animales nacidos en este criadero.

La relación de machos y hembras nacidos por año (Anexo; Gráfico 2), está marcada por un constante predominio en el número de hembras en los primeros años. El cociente considerando toda la población del criadero es 0,57, valor que dista bastante de 1, que es el valor esperado, una de las razones que podría explicar esto es que no todos los animales nacidos en el criadero eran inscritos. Al parecer, debido al costo que la inscripción significa para el criador, la gran mayoría de

---

<sup>2</sup> Porte 2005, Profesor Emérito U. de Chile, Lastarrias 179 Dep. 41, Santiago.

las hembras fueron inscritas a objeto de mantener o aumentar la masa animal del criadero, mientras que sólo se inscribían los machos que al criador le interesaba reproducir. A partir de 1939 esto se normaliza y comienza a haber una relación cercana a 1, no obstante, con fluctuaciones en algunos años.

El número de generaciones trazadas en promedio por año es de 4,7 y 4,8 generaciones para machos y hembras respectivamente. La tendencia (Anexo; Gráfico 3) en el número de generaciones por animal según su año de nacimiento, desde el año 1900 en adelante, es totalmente lineal, lo que indica que no existe prácticamente ninguna pérdida de información en el pedigrí. En los últimos años se llega a tener 10 generaciones por animal, tanto para los machos como para las hembras.

Con relación a la población que se reproduce en el Criadero 1 (Anexo; Tabla 1), hay un total de 152 machos y 583 hembras, la mayoría de estos provienen del mismo criadero, 53% y 91% respectivamente, del total de animales nacidos en el criadero, el 79% posee padres del mismo criadero y el 95% posee madres del mismo criadero. De los machos nacidos en el criadero sólo el 9% deja progenie en el criadero, para las hembras este valor aumenta a 33%.

La relación promedio entre madres y padres en todo el pedigrí es de 3,8. La distribución de la cantidad de padres según el número de hijos es muy asimétrica (Anexo; Grafico 4), en cuanto a las madres (Anexo; Grafico 5), ocurre una situación similar pero no tan marcada.

### **Criadero 2:**

Este criadero posee un total de 1008 animales, 498 machos y 510 hembras. El número de fundadores totales es de 385 animales de los cuales 88 son machos y 297 son hembras, Al igual que el criadero anterior, todos estos no han contribuido genéticamente en la primera generación, sino que sólo lo han hecho 163 de estos. El resto de ellos se ha ido incorporando en las siguientes generaciones, a través de sus descendientes que han sido incorporados al criadero.

El número de animales nacidos por año se distribuye en forma irregular a lo largo de los años (Anexo; Gráfico 1). Se observa dos períodos en los cuales hay un aumento constante en la población, el primero entre los años 1945 y 1961 y el segundo entre 1981 y 1995. El período de

depresión entre ambos períodos se debe probablemente a la Reforma Agraria ocurrida entre 1962 y 1973<sup>3</sup>.

Del año 1996 en adelante hay una disminución en el número de animales, lo cual se hace más evidente a partir de 1999. Posiblemente esto se debe a que los animales nacidos en los últimos años pueden no estar inscritos y aún si lo están, el tomo correspondiente del Stud Book todavía no ha sido publicado.

En este criadero la relación machos/hembras nacidos por año (Anexo; Gráfico 6) es más constante y más cercana a 1 que el caso anterior (0,976).

Respecto a las generaciones trazadas por animal (Anexo; Gráfico 7), se observa que estas no difieren mucho del criadero anterior, llegando a tener 9 generaciones aproximadamente, tanto para machos como hembras. De igual forma la tendencia observada es lineal. Esta igualdad se debe a que aunque este criadero comenzó en una fecha posterior al criadero 1, sólo utilizo individuos inscritos en la raza y con genealogía conocida dado que para esa fecha la raza ya tenía sus registros cerrados. Estas similitudes son importantes, pues hacen que los parámetros poblacionales que determinan variabilidad genética, estimado a partir de las contribuciones genéticas en los criaderos sean comparables, debido a que se utilizó toda la genealogía disponible en el pedigrí.

El número de reproductores en este criadero (Anexo; Tabla 2) es diferente al Criadero 1, habiendo 110 padres y 304 madres. En el caso de los padres, el 82% proviene de otros criaderos por lo que el 79% de los animales nacidos en el criadero poseen padres provenientes de otros criaderos. El 61% de las madres provienen del criadero, y el 55% de los animales nacidos en el criadero son hijos de madres del criadero. Esta información nos muestra claramente que el Criadero 2 ha mantenido un mayor intercambio de animales con otros criaderos, con relación al Criadero 1.

Más aún, de la población nacida en este criadero, sólo el 4% de los machos y el 30% de las hembras deja progenie dentro del criadero. Estos valores se pueden interpretar comparativamente con el Criadero 1, en el caso de los machos, la proporción de seleccionados para la reproducción es más baja, pero esto no se debe a que utilicen los potros en forma más intensiva (Anexo; Gráfico 8), sino que este criadero se abastece principalmente de potros de otros criaderos. Las hembras por su parte, muestran un valor bastante similar al Criadero 1, este valor es el necesario para mantener la población en un tamaño más o menos constante. No obstante, el Criadero 2 la mayor parte del

---

<sup>3</sup>Porte 2005, Profesor Emérito U. de Chile, Lastarrias 179 Dep. 41, Santiago.

tiempo se ha mantenido en crecimiento, lo que necesariamente es a través de la adquisición de hembras de otros criaderos.

Respecto a la relación madres/padres, esta es muy similar al Criadero 1 alcanzando un valor de 2,76. El número de hijos por padres y madres (Anexo; Gráfico 8 y 9) presenta una distribución asimétrica. Este fenómeno generará una asimetría en las contribuciones genéticas a lo largo de las generaciones.

## 5.2. Parámetros poblacionales:

### 5.2.1. Intervalo Generacional:

#### **Criadero 1:**

El Criadero 1 (Tabla 2) posee un intervalo generacional muy similar para las hembras y para los machos, tanto si es calculado por medio de las Contribuciones como por el Método Tradicional. Por el método de las Contribuciones se logra un intervalo de 13,4 años, y 13,2 años por el Método Tradicional.

**Tabla 2:** Intervalo generacional, para el criadero 1 y 2, y toda la población en estudio, calculado por el método tradicional (Falconer y Mackay, 1996) y por el método de las contribuciones genéticas (Bijma y Woolliams, 1999).

	Machos	Hembras	M y H
<b>Criadero 1</b>			
Intervalo Tradicional	12,8	13,6	13,2
Intervalo Contribuciones	12,6	12,8	13,4
<b>Criadero 2</b>			
Intervalo Tradicional	13,2	14,4	13,8
Intervalo Contribuciones	12,3	13,9	15
<b>Toda la población en estudio</b>			
Intervalo Tradicional	13,1	14,0	13,6
Intervalo Contribuciones	11,8	15,8	15,0

### **Criadero 2:**

Este Criadero (Tabla 2), posee intervalos generacionales mayores para las hembras que para los machos, y al comparar los dos métodos se encuentra una mayor diferencia que en el caso anterior, lográndose intervalos para los machos de 12,3, para las hembras de 13,9 y para machos y hembras de 15 años.

### **Toda la población en estudio:**

La población total (Tabla 2) presenta un intervalo generacional para las hembras algo mayor que el calculado para los machos y, las diferencias entre los dos métodos no mantienen exactamente la misma tendencia anterior, pues el intervalo de los machos es mayor cuando se calcula por el método tradicional que por medio de las contribuciones.

El hecho que las hembras posean intervalos más largos, probablemente se debe a que éstas se mantienen en los criaderos prácticamente por toda su vida reproductiva. Los machos, en cambio, son reemplazados más rápidamente, pues es mucho más fácil hacerlo sin que se disminuya la masa animal crítica del criadero.

Al comparar los valores entre criaderos, observamos que el Criadero 2, posee intervalos generacionales más largos que el Criadero 1, debido a que este último utilizaba los animales por una mayor cantidad de años. Otra posible explicación yace en que como este criadero se abastecía constantemente de animales externos, es probable que estos hayan sido animales ya probados (con buenos resultados en rodeos o con una progenie que haya tenido buenos resultados), lo que implica el uso de animales en forma más tardía. En contraste el Criadero 1 sólo se abastecía de animales de su propio criadero, lo que significa que el uso de padrillos o yeguas se realice de forma más temprana.

Cuando se compara los criaderos con los valores de la población total, el intervalo para machos es muy similar en los 3 casos y el intervalo para hembras es distinto en las tres fuentes siendo mayor para la población total. El hecho que los intervalos generacionales para toda la población sean más largos que para los criaderos, probablemente se debe a que la población total sólo incluye a los animales que tienen relación con el Criadero 1 y 2, lo que implica que no necesariamente esté toda la progenie de esos animales. Más aún, los animales de otros criaderos



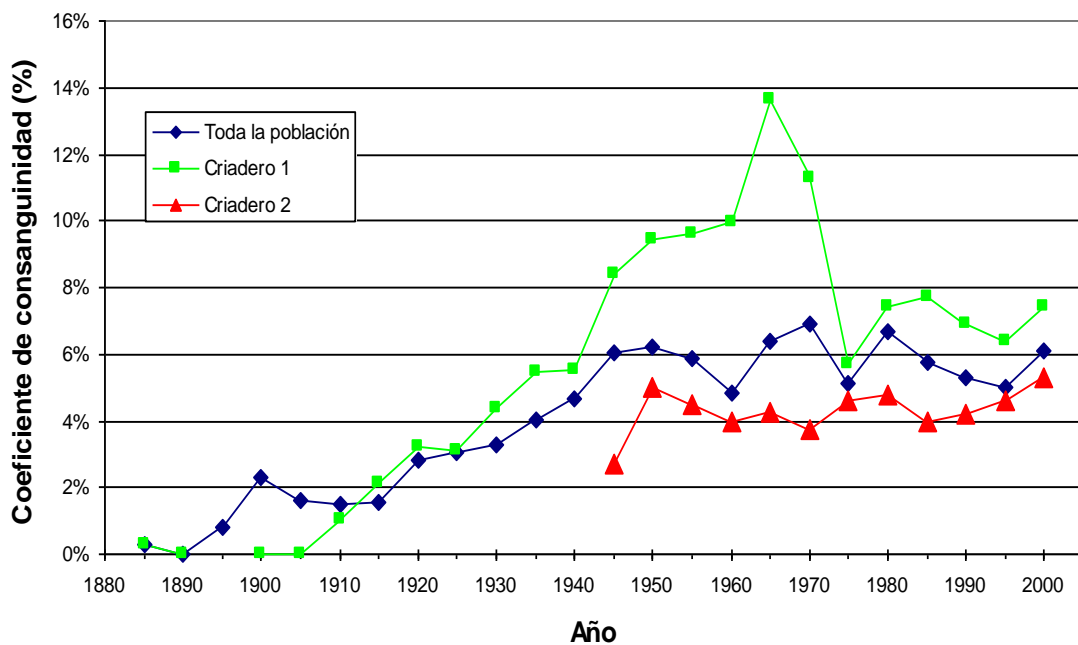
que estaban relacionados con estos criaderos eran animales que ya estaban probados, lo que hace que sean animales de mayor edad al momento de hacer alguna contribución a los criaderos en estudio.

### 5.2.2. Coeficiente de consanguinidad (F):

Los coeficientes de consanguinidad para el Criadero 1 se midieron entre los años 1885 y 2002 divididos en 24 períodos de 5 años cada uno, con excepción del último que sólo consta de 3 años. El período número 3 no presenta datos debido a que entre esos años no nació ningún animal. El Criadero 2 comienza desde el período 1945-1950 en adelante. Los períodos para toda la población comienzan desde el año 1885 en adelante.

El  $\Delta F$  generacional se calculó a través de una regresión sobre los valores observados, asumiendo una relación lineal entre los promedios de consanguinidad y los periodos en estudio, así como también se estimó el  $\Delta F$  generacional por medio de las contribuciones genéticas.

Además se estableció la proporción de individuos, en cada generación, que eran consanguíneos producto de cruzamientos entre parientes con algún ancestro en común en la 2<sup>a</sup>, 3<sup>a</sup> y 4<sup>a</sup> generación (hacia atrás), en cada criadero.



**Gráfico 1:** Tendencia en el coeficiente de consanguinidad, dentro de cada criadero y toda la población en estudio. Cada punto corresponde al promedio de consanguinidad calculado en períodos de 5 años.

### **Criadero 1:**

Los coeficientes de consanguinidad (ver gráfico 1), presentan una tendencia lineal hasta el período 1965-1969, con un aumento constante a través de las generaciones, desde un valor de 0% hasta 14%. No obstante, luego de este período hay una fuerte disminución en el coeficiente para que en el período 1980-1984 en adelante se estabilizara.

La disminución que se observa en el gráfico corresponde a la fecha de cambio de manejo en el criadero y a la Reforma Agraria<sup>4</sup>, lo que necesariamente debe haber provocado una alteración en la mantención en las políticas de cría. Por otra parte, la disminución en la consanguinidad puede explicarse producto de la introducción de animales de otros criaderos, que hicieron que el coeficiente se mantuviera estable.

El  $\Delta F$  anual calculado a través de la regresión sobre todos los períodos fue de 0,086%. Si la regresión se realiza sólo hasta el período 1965-1969 (pues hasta este período se cumple el supuesto de linealidad de la consanguinidad) se obtiene un valor de 0,116%, el que sería un mejor estimador de la tendencia de consanguinidad que tuvo este criadero. El  $\Delta F$  por generación, en este primer período, es de un 1,55%.

El  $\Delta F$  calculado por medio de las contribuciones genéticas, es más bajo al  $\Delta F$  realizado, encontrándose un  $\Delta F$  de 0,6% por generación. El tamaño efectivo poblacional ( $N_e$ ) calculado con el  $\Delta F$  realizado, es de 32,16 animales.

La proporción de individuos consanguíneos debido al cruzamiento entre parientes cercanos (Ver Tabla 3), es bastante baja en todas las generaciones si se considera la segunda generación (abuelos). Los valores para la tercera (bisabuelos) y cuarta (tatarabuelos) generación, son bastante mayores sobre todo en las generaciones 4, 5 y 6; lo que sigue el mismo comportamiento del coeficiente de consanguinidad (Ver Gráfico 1).

### **Criadero 2:**

Los coeficientes de consanguinidad, en el Criadero 2, se presentan desde el período 1945-1949 en adelante (Ver Gráfico 1), siendo este período cuando se inicio éste criadero. Producto de ello, la formación de este criadero, se realizó con individuos emparentados, entre si, puesto que dentro de él no existen animales activos que hayan sido fundadores de la raza. Para todos los

---

<sup>4</sup> Porte 2005, Profesor Emérito U. de Chile, Lastarrias 179 Dep. 41, Santiago.

períodos, se mantiene un coeficiente de consanguinidad promedio relativamente constante, que fluctúa entre el 4% y 5%. La mayor diferencia con el Criadero 1, tanto en los valores del coeficiente de consanguinidad y en su tendencia, se puede explicar debido a la gran proporción de animales de otros criaderos que incorpora el Criadero 2 a lo largo de su desarrollo, lo que hace mantener el coeficiente de consanguinidad relativamente constante, debido a que individuos escasamente emparentados son incorporados al criadero. Por ello, la estimación del  $\Delta F$  anual a través de la regresión, da como resultado un valor muy bajo, 0,018% (no significativo) y el  $\Delta F$  por generación es de 0,27%. Con un  $N_e$  de 185,2 individuos.

**Tabla 3:** Porcentaje de individuos consanguíneos producto de cruzamientos entre animales con algún ancestro en común en la 2ª (abuelos), 3ª (bisabuelos) y 4ª (tatarabuelos) generación.

Criadero 1	$f$	$B_i$	Tata
Generación			
1	(	0,	2,40
2	(	0,	3,70
3	ξ	2	34,3
4	ξ	4	70,2
5	ξ	5	86,6
6	ξ	6	95,2
7	̄	3	72,8
8	(	1	45,8
9	(	1	49,7
Criadero 2			
Generación			
1	ξ	1	49,0
2	̄	6,	33,1
3	(	2,	28,4
4	(	9,	37,9

Un mejor estimador de la tendencia de la consanguinidad en este criadero esta dado por la estimación del  $\Delta F$  a través de las contribuciones genéticas, el cual presenta un valor de 0,437%.

Como es esperable, este criadero presenta una menor proporción de individuos consanguíneos producto de cruzamientos entre individuos cercanamente emparentados, que el Criadero 1, además presenta una tendencia más constante en las distintas generaciones (Ver Tabla 3).

### **Toda la población en estudio:**

Al considerar toda la población (Ver Gráfico 1) existe un aumento sostenido del coeficiente de consanguinidad hasta el período 1935-1939 y luego se observa una estabilidad del coeficiente dentro de un rango de un 5 a un 7%, no obstante, dentro de este rango los valores son fluctuantes. Los períodos con un mayor coeficiente 1960-1964 y 1970-1974 donde se alcanza un coeficiente de consanguinidad de un 7%.

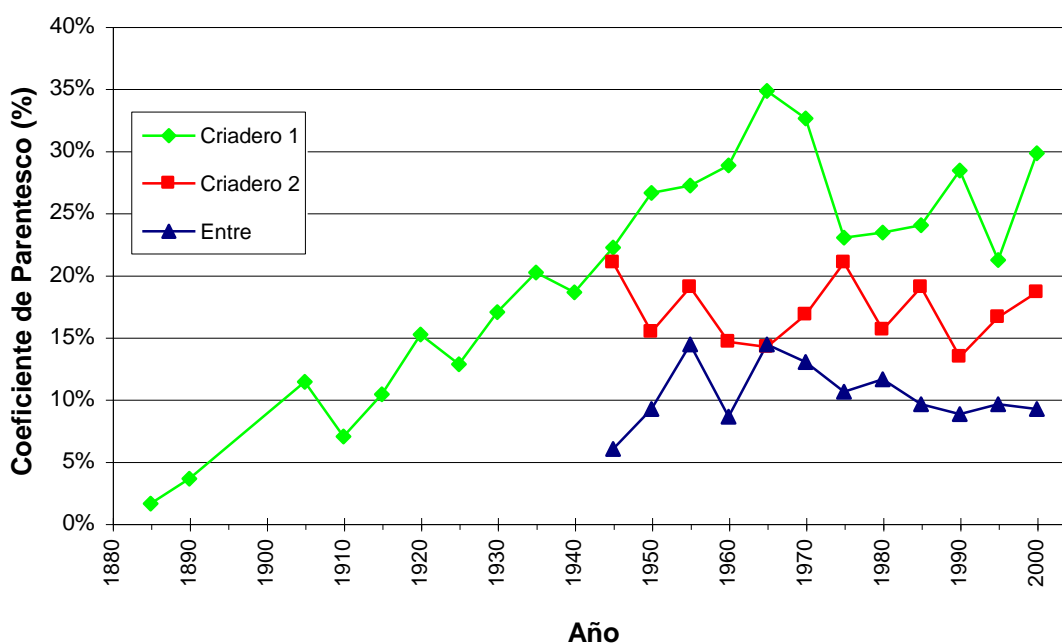
Utilizando la regresión de los coeficientes de consanguinidad sobre el número generacional, se obtiene un  $\Delta F$  de 0,58%. En este caso el  $\Delta F$  calculado por las contribuciones sí fue concordante con el  $\Delta F$  realizado, pues se obtuvo un valor de 0,62%. El tamaño efectivo ( $N_e$ ) obtenido con el  $\Delta F$  realizado es 85,03 animales.

### 5.2.3. Coeficiente de parentesco:

#### Criadero 1:

El parentesco promedio dentro del criadero, se midió en 22 períodos ya que en el período 1900-1904, sólo existía un animal por lo que se obvió el resultado y, el período 1895-1899 no presentaba animales nacidos (Ver gráfico 2).

El coeficiente de parentesco fue incrementando de manera constante, con una tendencia anual de 0,38% hasta el año 1965, siendo su valor máximo en el período 1965-1970 (aprox. 35%). La posterior caída en este coeficiente puede ser explicada por el cambio de propiedad del criadero, momento en el cual se incorporaron nuevos reproductores.



**Gráfico 2:** Coeficiente de parentesco promedio dentro y entre criaderos. Cada punto corresponde al parentesco promedio calculado en períodos de 5 años.

### **Criadero 2:**

Representado desde el período 1945-1950 en adelante (Ver gráfico 2), el Criadero 2 posee un coeficiente de parentesco promedio menor al Criadero 1, el cual se mantiene entre un 14 y 20%, sin una tendencia significativa. Dentro de estos valores existe una fluctuación cíclica cuyas bajas, lo más probable, es que correspondan a los momentos en que se incorporan animales de otros criaderos con la intención de no cruzar animales emparentados entre si, dentro del criadero.

### **Entre criaderos:**

El coeficiente de parentesco entre ambos criaderos es relativamente bajo, sin una tendencia significativa, llegando a un máximo de 14,4% en el período 1955-1960 y 1965-1970 (Ver gráfico 2). Luego de este período inicial este coeficiente se mantiene constante. Por ello es posible señalar que existió migración desde el Criadero 1 hacia el Criadero 2, directa o indirectamente, dado que el Criadero 2 estaba en formación.

#### **5.2.4. Contribuciones Genéticas:**

A continuación se determinó cuán asimétricas son las contribuciones, debido a la implicancia que posee la asimetría en la pérdida de variabilidad genética. Luego se estableció el momento en que las contribuciones se estabilizan, con el fin de establecer si estas permiten estimar los  $\Delta F$ . Por último, se identificó a los fundadores más preponderantes de cada criadero además de ver el comportamiento de sus contribuciones en cada generación.

##### **5.2.4.1. Asimetría de las contribuciones:**

### **Criadero 1:**

En todas las generaciones hay un pequeño número de fundadores que aportan con la mayor parte del pool génico de la población (Anexo; gráfico 10). El número de fundadores que contribuyen

con el 50% del pool génico se encuentra en un rango de 11 a 17, evidenciando una gran asimetría en las contribuciones.

### **Criadero 2:**

La situación en este criadero es muy similar, hay un pequeña cantidad de fundadores contribuyendo con el 50% del pool génico en las 4 generaciones (Anexo; gráfico 11), siendo 14, 16, 18 y 19 fundadores respectivamente para cada generación. Estos valores son levemente superiores al Criadero 1, sin embargo esto sólo se debe a que el número de fundadores totales es levemente superior.

#### **5.2.4.2. Estabilización de las contribuciones:**

Para determinar en que momento las contribuciones se estabilizaron se calculó el número efectivo de fundadores en cada generación pues, este se hace constante cuando las contribuciones genéticas de los fundadores se estabilizan.

La importancia del momento en que se estabilizan las contribuciones radica en la implicancia que posee este fenómeno en la estimación del  $\Delta F$  asintótico, y del valor como estimador de la variabilidad genética que posee el  $\Delta F$  estimado a través de las contribuciones y el número efectivo de fundadores.

### **Criadero 1:**

El número efectivo de fundadores (Ver tabla 4) determina que las contribuciones aún no están estables, pues este no se hace constante en las últimas generaciones. El incremento que se observa a partir de la generación 7, se debe a la incorporación de nuevos reproductores producto del cambio de propiedad del criadero.



**Tabla 4:** Número efectivo de fundadores (Lacy, 1989) calculado en cada generación en la población

Generación	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Criadero 1	43	42,5	38,2	34,3	33,6	29,7	30,4	41	44,3
Criadero 2						38,2	46,4	53,2	57,2
Toda la población	101,2	69,5	64,5	58	50,9	49,4	48,3	48,4	47,8

**Criadero 2:**

En este criadero el número efectivo de fundadores, indica sin duda que las contribuciones no están estabilizadas, pues como se ve en la Tabla 4, presenta una constante alza debido a la incorporación de nuevos animales con un escaso parentesco con este criadero.

**Toda la población:**

En la población en estudio, el número efectivo de fundadores se hace constante a partir de la generación 6 (Tabla 4), indicando la estabilización en las contribuciones genéticas de los fundadores.

#### 5.2.5. **Conformación del pool genético de la raza en las últimas generaciones:**

##### **Criadero 1:**

Se identificaron 16 individuos fundadores de un total de 332, los cuales dan cuenta del 51% del pool génico de este criadero. De ellos, 5 son machos, que aportan el 16,7%; y 11 son hembras, que aportan el 34,4% (Ver Tabla 5).

En el grupo de machos todos los animales poseen una contribución entre un 2 y 4%, salvo el potro “El Naranja” que contribuye con un 6,4%. Contrariamente a lo que se espera, estos animales fundadores poseen una baja cantidad de hijos, incluso “El Naranja” que sólo posee 2 hijos. Esto se debe en primer lugar, a que sus hijos fueron ampliamente utilizados constituyéndose como potros de gran relevancia en la formación de la raza, y en segundo lugar, a que estos animales no son animales inscritos en el Stud book y sólo son mencionados en éste, debido a que son padres de animales que sí fueron inscritos como Caballos Chilenos.

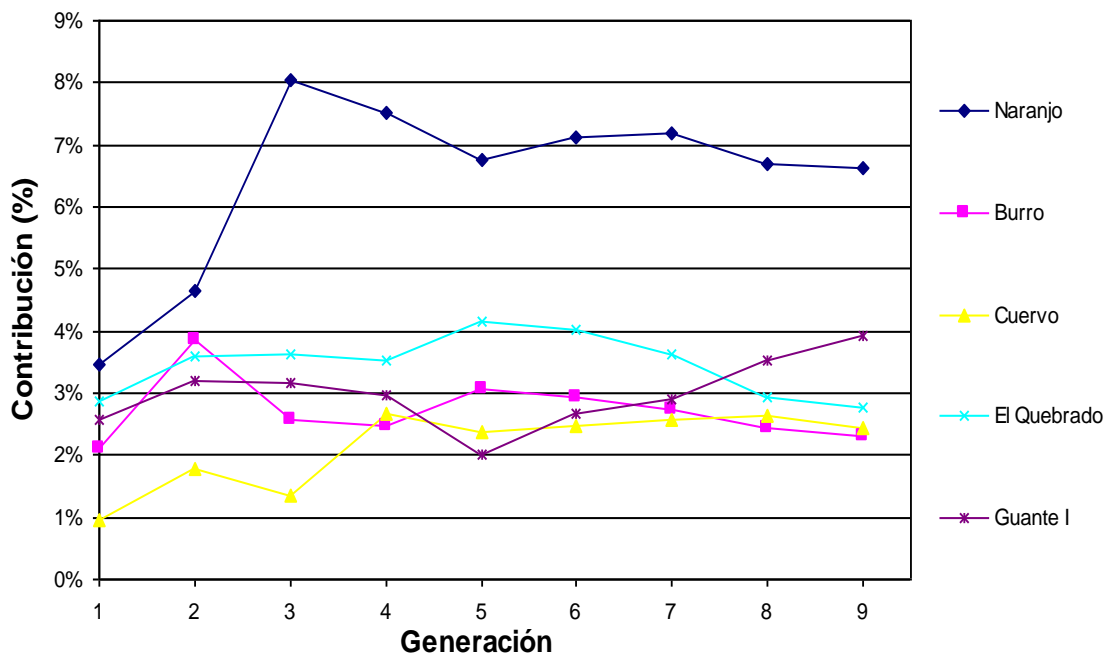
**Tabla 5:** Contribución genética y número de hijos de los fundadores más influyentes en criadero 1, que contribuyen con el 50% del pool génico.

\* Fundador desconocido, el nombre sólo indica denominación de origen y no un animal en específico, MD madres desconocidas, entre paréntesis, descendiente con que entró al pedigrí.

Id	Nombre	Contribución (%)	N Hijos
<b>Machos</b>			
62NCF	NARANJO	6,42	2
14NCF	ELQUEBRADO	3,26	1
45NCF	BURRO	2,48	2
55NCF	GUANTEI	2,42	6
37NCF	CUERVO	2,16	1
Suma		16,75	12
<b>Hembras</b>			
334	36	4,6	3
137F	CHINA	4,36	2
*	CHILENA (Bandurria, 613)	4,13	1
*	ACULEGUANA (Codicia, 73)	3,76	1
52F	RABICANADETREBULCO	3,26	1
*	CHILENA (Mezcla, 392)	2,96	1
*	MD (Botin, 63NCF)	2,66	1
*	CUEVANA (El Chino, 16NCF)	2,18	1
*	DE TREBULCO (Baya Larga, 152F)	2,18	1
80F	PALOMA	2,16	1
163F	ABEJA	2,16	1
Suma		34,41	14

Las contribuciones de los machos (Ver gráfico 7), en la generación 1 son relativamente parecidas entre ellos. En las generaciones sucesivas hay un grupo que presenta contribuciones que se mueven entre el 2 y 4%, el potro “El Naranjo” en cambio se aparta ostensiblemente del grupo. A partir de la generación 6 las contribuciones se hacen algo más estables, no obstante “El Quebrado” y “Guante I” tienden a modificar su contribución.

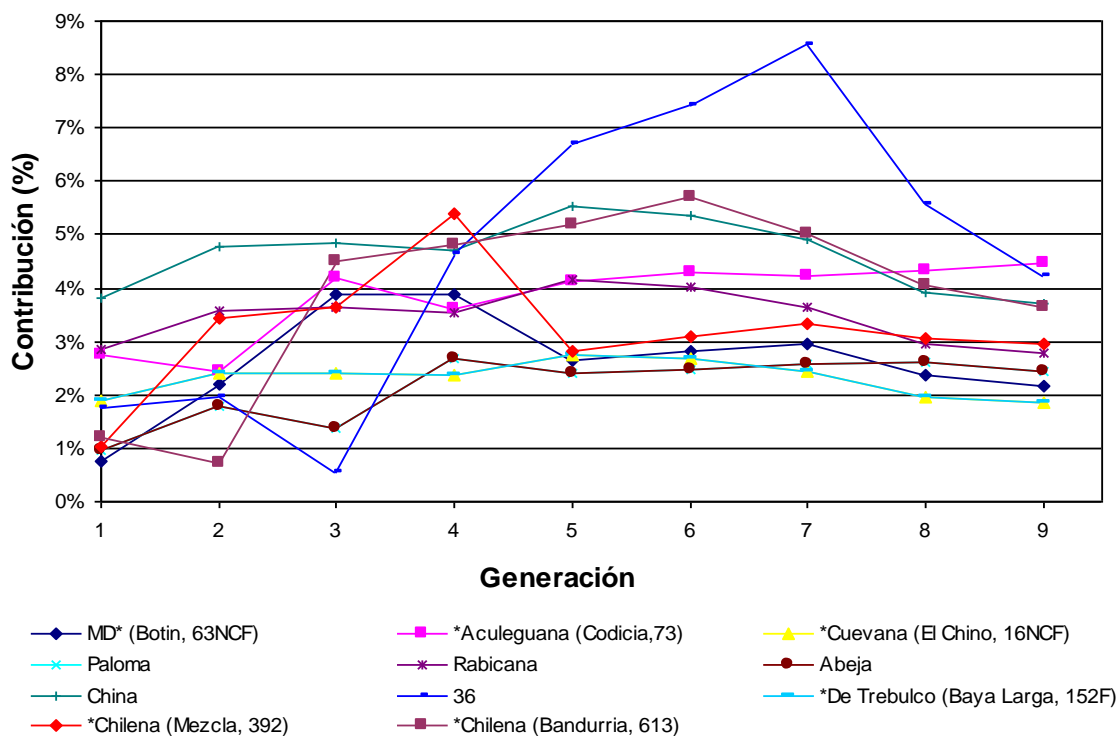
**Gráfico 7:** Contribución genética en cada generación de los machos fundadores más influyentes en el criadero 1.



Por otra parte, las contribuciones de las hembras (Ver gráfico 8) presentan valores similares a los observados en los machos, sin embargo, tienden a ser más estables, con valores en las últimas generaciones entre un 2 a un 4%.

**Gráfico 8:** Contribución genética en cada generación de las hembras fundadoras más influyentes en el criadero 1.

\* Fundador desconocido, nombre solo indica una denominación de origen y no un animal en específico. MD madres desconocidas, entre paréntesis, descendiente con que entró al pedigrí.



### Criadero 2:

El Criadero 2 posee 18 fundadores de un total de 385, que contribuyen con el 50,6% de su pool génico. Estos se dividen en 5 machos que contribuyen en un 16% y en 13 hembras que contribuyen en un 34,5% (Ver Tabla 6).

**Tabla 6:** Contribución genética y número de hijos de los fundadores más influyentes en criadero 2, que contribuyen con el 50% del pool génico.

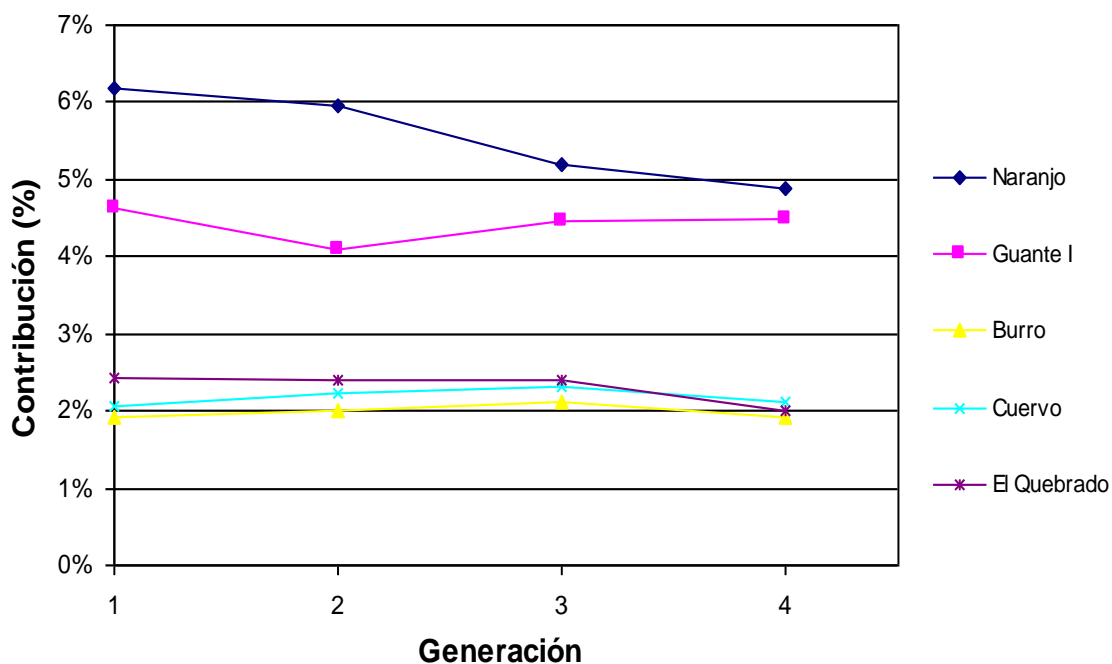
\* Fundador desconocido, nombre solo indica una denominación de origen y no un animal en específico, MD madre desconocida, entre paréntesis, descendiente con que entró al pedigrí.

Id	Nombre	Contribución (%)	N hijos
<b>Machos</b>			
62NCF	NARANJO	5,39	2
55NCF	GUANTEI	4,37	6
14NCF	ELQUEBRADO	2,24	1
37NCF	CUERVO	2,13	1
45NCF	BURRO	1,96	2
Suma		16,09	12
<b>Hembras</b>			
1293	OBLEA	3,98	1
*	CHILENA (Mezcla, 392)	3,54	6
*	ACULEGUANA (Codica, 73)	3,08	1
111F	EULALIA	3,04	1
137F	CHINA	3,01	2
*	CARDONALINA (Gacho, 629)	2,81	1
*	VICHICUELINA (Pepita, 2694)	2,58	1
*	MD (Botin, 63NCF)	2,31	1
52F	RABICANADETREBULCO	2,24	1
*	CHILENA (Bandurria, 494)	2,15	5
80F	PALOMA	2,13	1
163F	ABEJA	2,13	1
*	CARDONALINA (Petizo, 47NCF)	1,51	1
Suma		34,51	23

Las contribuciones a través del tiempo, tanto en machos como en hembras, tienden a ser más constantes, llegando a una aparente estabilización en la cuarta generación (Ver Gráfico 9 y 10). En este criadero, las contribuciones de los machos se pueden dividir en dos grupos, uno de “El Naranjo” y “Guante I” que se encuentran en un nivel similar, del orden del 4 a 5% y luego los demás están en rango del 2%.

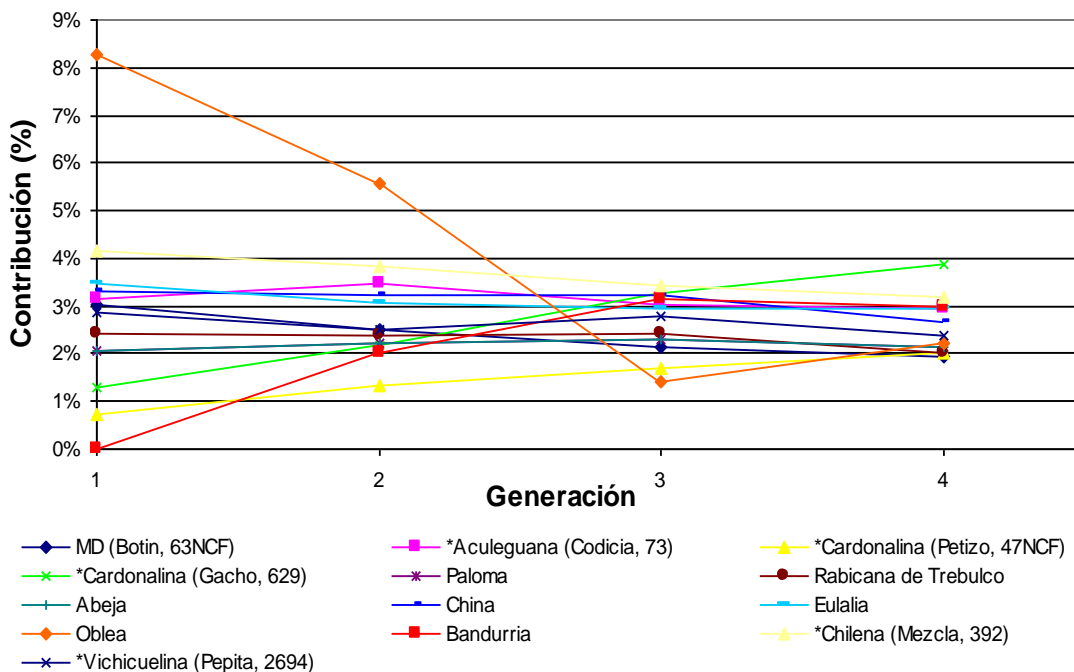
Las hembras (Ver Gráfico 10) en este caso poseen una contribución muy similar entre sí, 3 a 4%, no existiendo hembras con contribuciones mayores a este valor.

**Gráfico 9:** Contribución genética en cada generación de los machos fundadores más influyentes en el criadero 2.



**Gráfico 10:** Contribución genética en cada generación de las hembras fundadoras más influyentes en el Criadero 2.

\* Fundador desconocido, nombre solo indica una denominación de origen y no un animal en específico, MD madre desconocida, entre paréntesis, descendiente con que entró al pedigrí.



Comparando los fundadores de la raza más relevantes de cada criadero es posible encontrar a los mismos animales. El grupo de los machos es exactamente el mismo en los dos criaderos. En el grupo de las hembras la situación es algo similar, habiendo 7 yeguas fundadoras en común de un total de 11 en el Criadero 1 y 13 en el Criadero 2.

La razón en la similitud del grupo de fundadores puede explicarse por:

- 1) La relativa similitud genética entre criaderos (parentesco entre criaderos de un 10%). Pues, ambos criaderos tienden a utilizar padrillos que provienen de estirpes importantes para la raza.
- 2) La estabilización de las contribuciones genéticas de los fundadores de la raza en los animales que formaron al Criadero 2 (ver sección **Estabilización de las contribuciones**).



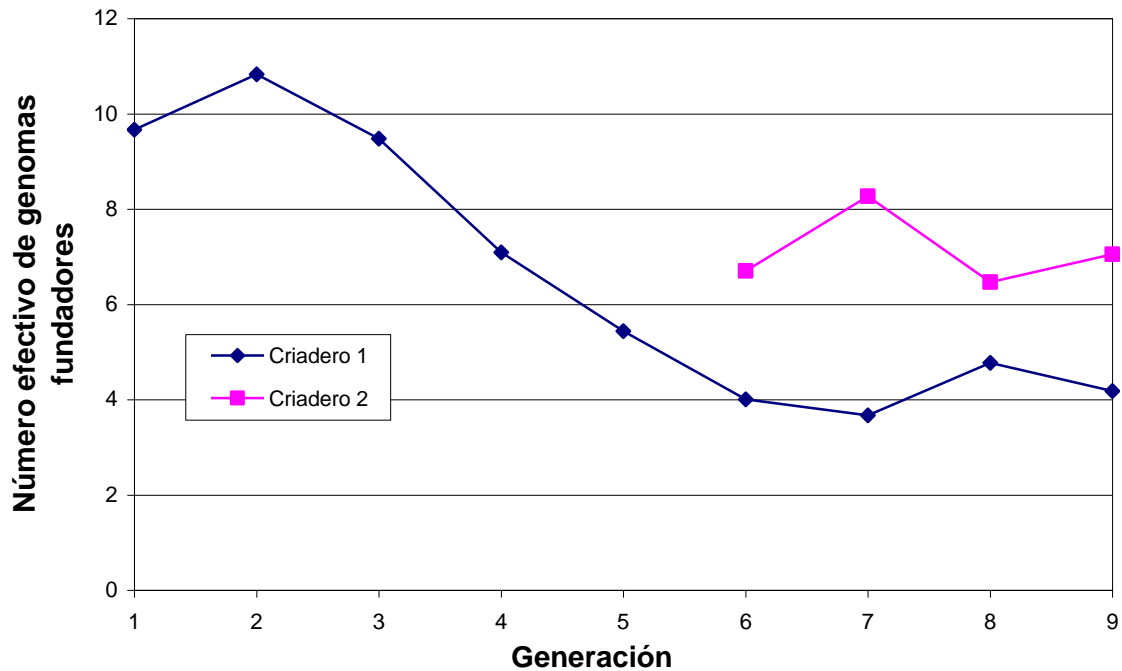
#### 5.2.6. Número efectivo de fundadores ( $F_e$ ), número efectivo de ancestros ( $F_a$ ) y número efectivo de genomas fundadores ( $F_g$ ):

Estos parámetros se midieron en cada generación, para cada criadero. A través del número efectivo de genomas fundadores se determinó la magnitud de la pérdida de variabilidad genética. Luego, se estableció el rol que tuvieron en la pérdida de variabilidad: asimetría de las contribuciones, los cuellos de botella y la deriva génica. La diferencia entre el número de fundadores reales y el  $F_e$  se debe a la asimetría de las contribuciones, y el cociente de las relaciones  $F_e/F_a$  y  $F_e/F_g$  indican la presencia de cuellos de botella y deriva génica (Boichard, 1997; Sorensen *et al.* 2005).

#### Criadero 1:

La variabilidad genética existente en la población de fundadores de la primera generación, bajo el supuesto que estos animales no poseían ningún grado de parentesco entre si, corresponde a 159 genomas, que va en aumento, a través de la incorporación de nuevos animales al criadero. El número exacto de genomas fundadores completos que se incorporan no es posible determinarlo, ya que lo hacen a través de sus descendientes y por ende sólo ingresa una fracción del genoma de otros fundadores de la raza. De todos modos la cantidad de genomas fundadores distintos, completos o no, que han contribuido al criadero es de 367. En la última generación el total de la variabilidad genética está explicada por sólo 4,18 genomas.

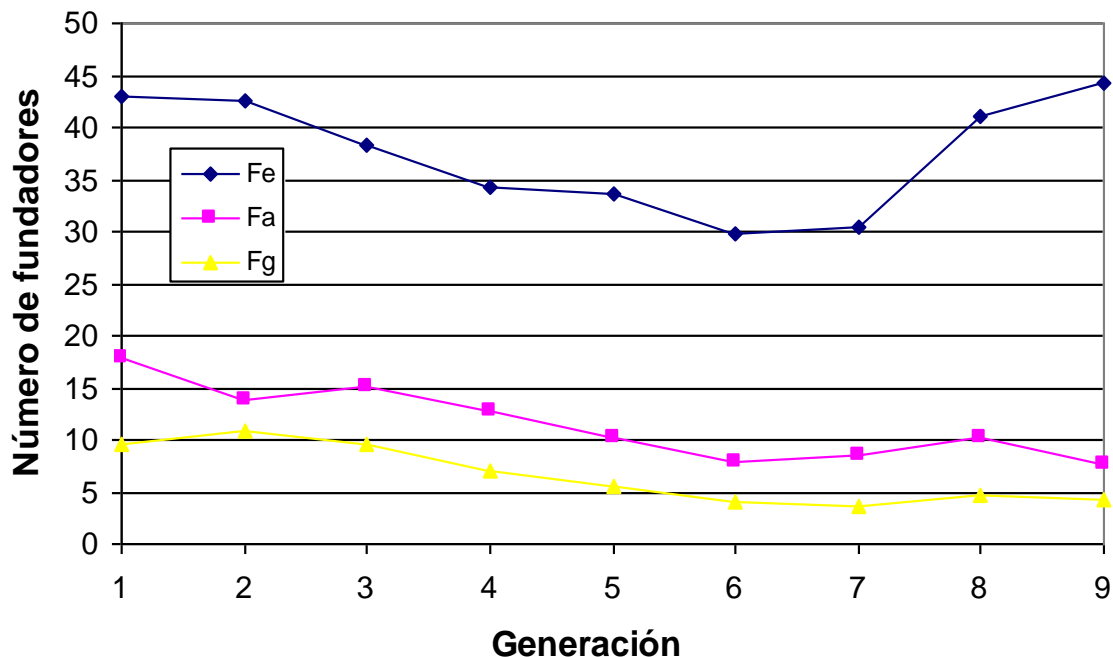
Como es de esperar hay una constante pérdida en el número de genomas fundadores a lo largo de las generaciones (Ver gráfico 11). La mayor pérdida de variabilidad ocurre tempranamente en la primera generación, de 159 a 9,7 genomas, dada por la gran varianza en el número de descendientes que deja cada fundador.



**Gráfico 11:** Número efectivo de genomas fundadores (Lacy, 1989) en cada generación, en el Criadero 1 y 2.

A continuación se muestra la evolución y relación del número efectivo de fundadores, número efectivo de ancestros y el número efectivo de genomas fundadores (Ver gráfico 12) a partir de esto se aprecia el rol que ha tenido la deriva génica, los cuellos de botella y la asimetría en las contribuciones en la pérdida de variabilidad genética.

En todas las generaciones la influencia de la asimetría en las contribuciones de los fundadores posee un rol fundamental en la pérdida de variabilidad genética, ya que el  $F_e$  posee valores bajos, comparado con el número de fundadores, entre 35 y 45. El aumento del  $F_e$  en las dos últimas generaciones se debe a la introducción de animales de otros criaderos.



**Gráfico 12:** Número efectivo de fundadores ( $F_e$ ), Número efectivo de ancestros ( $F_a$ ) y Número efectivo de genomas fundadores ( $F_g$ ), a lo largo de las distintas generaciones en el Criadero 1.

El  $F_a$  en todas las generaciones posee una relación de más de dos veces menor al  $F_e$ , e incluso en las dos últimas generaciones la relación  $F_e/F_a$  es de 4 y 5,7 respectivamente, lo que implica la presencia de cuellos de botella. Igualmente la relación  $F_e/F_g$ , muestra un valor alto, producto de la deriva génica.

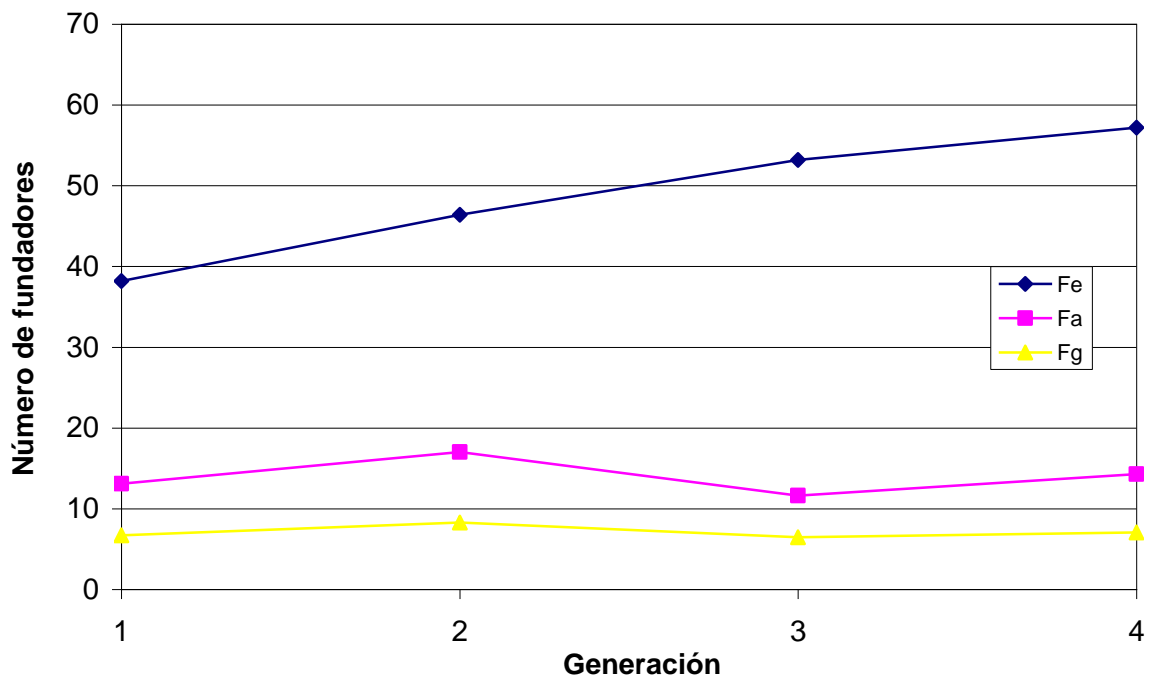
### Criadero 2:

En el Criadero 2 la pérdida de variabilidad genética es igualmente importante pues, de los 385 genomas fundadores que contribuyeron (al igual que en el caso del criadero anterior no es posible establecer el número de genomas completos a los que tuvo acceso el criadero). El número efectivo de genomas fundadores en la última generación es de 7,05.

Los valores de este parámetro (Ver gráfico 11) se mantienen fluctuantes en el tiempo, sin ninguna tendencia, y en un rango mayor que el criadero anterior. Igualmente la mayor pérdida ocurre en la primera generación, pero en este caso, esto no es ilustrativo de la real situación pues este

criadero nunca dispuso efectivamente de los 163 fundadores que contribuyeron en la primera generación, si no que sólo a través de sus descendientes.

La relevancia de cada fenómeno en la pérdida de variabilidad genética (Ver gráfico 13), no difiere mucho del Criadero 1 pues las contribuciones asimétricas juegan el rol más importante ya que el  $F_e$  posee un valor bajo, entre 40 y 60 individuos, la tendencia del  $F_e$  no es la esperada, seguramente, debido a la incorporación de individuos provenientes de otras líneas genéticas. Al igual que el Criadero 1 la relación  $F_e/F_a$  y  $F_e/F_g$  presenta un valor alto.



**Gráfico 13:** Numero efectivo de fundadores ( $F_e$ ), Número efectivo de ancestros ( $F_a$ ) y Número efectivo de genomas fundadores ( $F_g$ ), a lo largo de las distintas generaciones en el Criadero 2.

## 6. Discusión

### 6.1. Variabilidad genética en el Caballo Chileno

El nivel de variabilidad genética determinada para toda la población en estudio, es concordante independientemente de los parámetros utilizados (contribuciones genéticas o coeficiente de consanguinidad). Esto no ocurre si se estudia cada criadero por separado, pues las herramientas derivadas de los coeficientes de consanguinidad,  $N_e$  y  $\Delta F$ , demuestran una variabilidad sustancialmente mayor en el Criadero 2 en relación al Criadero 1 y a la Población total en estudio. Al utilizar las herramientas derivadas de las contribuciones genéticas,  $\Delta F$  estimado,  $F_e$ ,  $F_a$  y  $F_g$ , en cambio, se encuentra una variabilidad similar en los dos criaderos.

Esto se puede explicar debido a que la consanguinidad en el Criadero 2 no presenta una tendencia significativa. Ello, principalmente por la incorporación de animales provenientes de otras líneas genéticas a los criaderos, lo cual impide que la consanguinidad aumente en forma significativa.

Las diferencias en las estimaciones de variabilidad genética en el análisis dentro de criaderos, demuestran las limitantes que posee la consanguinidad, como un indicador de variabilidad genética, ya que es muy dependiente de los tipos de cruzamientos que existen en la población. Ello provoca la sobreestimación de la variabilidad en el Criadero 2. (Jones 1969a; Chevalet y De Rochambeau 1985; Verrier et al. 1994; Boichard et al. 1997, en Safari y James, 2002b). Por otra parte, utilizando la consanguinidad no es posible monitorear la variabilidad genética de una generación a la siguiente, pues para el cálculo del tamaño efectivo poblacional ( $N_e$ ) es necesario medir el  $\Delta F$  en más de un generación, cuando este no se ha hecho asintótico (Falconer y Mackay, 1996).

La estimación del  $\Delta F$  por medio de las contribuciones genéticas (Woolliams y Thompson, 1994), no fue posible, pues las contribuciones no están estabilizadas dentro de los criaderos (Sanchez *et al.* 1999). Esta situación no ocurre con toda la población en estudio, encontrándose valores concordantes: 0,58% el realizado, y 0,62% el predicho, debido a que las contribuciones sí están estabilizadas y hay una tendencia a que el  $\Delta F$  se haga asintótico en la población en su conjunto (Sanchez *et al.* 1999).

De acuerdo a esta situación, podemos decir que los dos criaderos se comportan como dos subpoblaciones parcialmente cerradas, dentro de una gran población cerrada completamente, donde las contribuciones genéticas de los fundadores están ya estabilizadas. La implicancia que posee esto, es que la fórmula de Woolliams y Thompson, 1994 (Fórmula 6), en el cálculo dentro de los criaderos, se transforma en una medida de variabilidad genética, la cual expresa la asimetría de las contribuciones genéticas de los fundadores (Sanchez *et al.* 1999). Es así como, el nivel de variabilidad que se debe considerar es el calculado por las contribuciones genéticas, el cual entrega un tamaño efectivo poblacional ( $N_e$ ), calculado por medio del  $\Delta F$  estimado, de 83,3 y 116,2 para el Criadero 1 y 2 respectivamente.

El  $N_e$  estimado para ésta muestra poblacional es de 85 animales, lo cual caería en el rango necesario para que la selección natural actúe en contra de la fijación de alelos deletéreos (FAO 1998; Bijma 2000, en Sorensen *et al.* 2005), en otras palabras, el que se mantenga viable en el largo plazo. Es posible que el tamaño efectivo poblacional de la raza sea mayor, pues ésta es una muestra de 5820 animales sobre una población total de 185.900 animales aproximadamente. Aún así, este valor se podría establecer como un nivel de variabilidad genética aproximado para la raza, debido al hecho que el  $\Delta F$  realizado y el predicho son muy coincidentes sugiriendo que la muestra se comporta como una población completa y cerrada, donde las contribuciones genéticas están estabilizadas. Por otra parte, estos dos criaderos han sido de gran influencia en la raza y, por ende, para otros criaderos más pequeños.

## **6.2. Evolución de la variabilidad utilizando información de pedigrí**

El número efectivo de genomas fundadores ( $F_g$ ), a diferencia del  $N_e$ , es capaz de expresar la pérdida total de variabilidad genética en cada generación, a través de la relación que existe entre este parámetro y el número de genomas fundadores reales, bajo el supuesto que los fundadores no están emparentados entre sí (Lacy, 1989). Es así como la mayor pérdida de variabilidad ocurre en la primera generación, 95% del pool génico inicial aproximadamente, en las siguientes generaciones, en cambio, la pérdida es mucho menor y se hace constante (aproximadamente entre un 1 a 2% por generación), lo cual es concordante con lo expresado por Boichard, (1997).

En relación a la importancia relativa de los procesos que han determinado la pérdida de variabilidad, asimetría en las contribuciones, cuellos de botellas y/o deriva génica, es posible establecer que la asimetría en las contribuciones es el proceso que ha generado una mayor disminución en la variabilidad, de acuerdo a la gran diferencia entre el número de fundadores reales y el  $F_e$ . Las relaciones  $F_e/F_a$  y  $F_e/F_g$  presentan un alto coeficiente, indicando la presencia de cuellos de botella y deriva génica, aunque es difícil determinar su importancia relativa en cada generación, debido a que el  $F_e$  no se ha estabilizado. Sólo es posible establecer que están presentes, pero jugando un rol menos importante que la asimetría de las contribuciones

### **6.3. Variabilidad actual**

El tamaño efectivo poblacional y el número efectivo de fundadores, tanto en los criaderos y en la población total en estudio se encuentran en rangos inferiores a los 500 animales descrito por Franklin y Frankham, (1998) (en Sorensen *et al.* 2005), necesarios para que la variabilidad genética no disminuya en el largo plazo. No obstante se encuentran dentro del rango de 50 a 100 animales, necesarios para que en una población la selección natural actúe en contra la fijación de alelos deletéreos. De esta forma, se espera que la población se mantenga viable en el largo plazo (FAO 1998; Bijma 2000, en Sorensen *et al.* 2005).

A pesar de la gran pérdida de variabilidad genética existente, la viabilidad de estas poblaciones no está en peligro, más aún cuando los criaderos no son poblaciones totalmente cerradas. Aunque en el futuro la variabilidad genética puede llegar a niveles peligrosos, considerando que la población en su conjunto es cerrada y por ende finita.

La variabilidad actual es levemente superior a la encontrada en otras razas de la especie. La evolución de la pérdida de variabilidad, por su parte, es muy similar a otras razas, pues de igual forma está se ha producido tempranamente debido a las altas contribuciones genéticas de un pequeño grupo de fundadores (Cunningham, 1991; Zechner *et al.*, 2002; Glazewska y Jezierski, 2004).

De acuerdo a la hipótesis planteada en esta memoria, sólo se cumple en parte, debido a:

1. La consanguinidad y parentesco dentro de los criaderos no es tan alta debido a que los criaderos no son totalmente cerrados, y hay, en mayor o menor medida, incorporación de animales de otros criaderos, especialmente por la vía de los machos.
2. En relación al flujo genético entre estos dos criaderos, efectivamente éste no fue alto y las similitudes en los fundadores más preponderantes sólo se debe al pool génico inicial que comparten.
3. La variabilidad genética encontrada no fue baja, como se esperaba, debido básicamente a que los criaderos se abastecen constantemente del pool génico de la raza.



#### 6.4. Utilización de las contribuciones genéticas en decisiones de selección

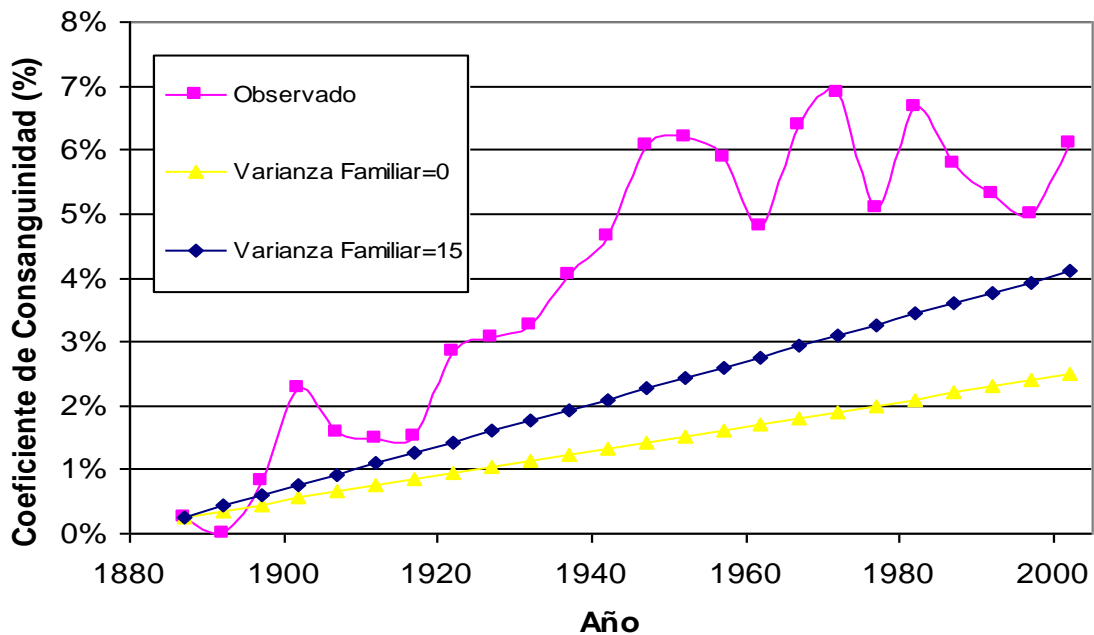
Las contribuciones genéticas de los fundadores, y sus herramientas derivadas ( $F_e$ ,  $F_a$  y  $F_g$ ) resultan de gran utilidad en programas de conservación. Ello debido a que, al incorporarlas como criterios de selección, permiten claramente estudiar el pool génico desde la población base hasta la actual. De esta forma, se establece fácilmente cuales son las líneas genéticas que se están perdiendo en la población y cuales son los individuos que mejor las representan actualmente. Por otra parte, debido a la robustez y sensibilidad de los parámetros derivados de las contribuciones genéticas en la determinación de la variabilidad genética, al desarrollar estrategias que los maximicen se garantizará el resguardo del pool génico (Lacy, 1989; Boichard, 1997).

Dentro de las estrategias que permiten disminuir la pérdida de variabilidad genética en la selección de la población de padres y en la asignación de cruzamientos están:

1. Ecuilibración de las contribuciones genéticas: Al permitir que los fundadores estén representados en igual proporción en la próxima generación, se disminuirá la asimetría en las contribuciones (maximizándose el  $F_e$ ), que como se vio provoca una gran disminución de variabilidad (Lacy, 1989).
2. Asignar cruzamientos minimizando la coancestría promedio: minimizando así la consanguinidad en la próxima generación y mejorando el fitness individual (Lacy, 1989).
3. Modificar el número de descendientes por animal, de tal modo de minimizar la varianza del tamaño familiar: Esto permite que todos los ancestros estén representados en la misma proporción en las siguientes generaciones (Falconer y Mackay, 1996).

Por otra parte, es necesario fijar la variabilidad genética mínima requerida para mantener viable a la población, con un tamaño efectivo poblacional entre 50 y 100 animales (FAO 1998; Bijma 2000, en Sorensen et al. 2005, ver sección 6.3). Ello para así poder compatibilizar la viabilidad de la población y el “*performance*” de la raza.

Por ejemplo, si la población base desde su inicio se hubiese manejado la varianza del tamaño familiar, permitiendo que cada reproductor contribuya con la misma cantidad de hijos y los reemplazos de cada reproductor sean obtenidos de su propia familia, con un individuo de su mismo sexo, la asimetría de las contribuciones sería cero, obteniéndose de esta forma un  $\Delta F$  de aproximadamente de un 0,3% (Gráfico 14). Por ello el tamaño efectivo de la población es el máximo que se puede obtener dado el número de reproductores que formaron la población base.



**Gráfico 14:** Consanguinidad observada en la población, y esperada si se restringe la varianza en el tamaño familiar a 0 y a 15.

En un escenario más conservador donde se privilegiaría la contribución de sólo algunos reproductores, es posible disminuir la varianza familiar modificando la contribución de ciertos reproductores. Por ejemplo, si se selecciona una población de 20 machos y 70 hembras (a lo largo de una generación), y un primer grupo, de los 5 mejores machos, contribuye con el 71% de la progenie, un segundo grupo de 5 machos contribuye con un 14% de la progenie y un último grupo de 10 machos, con un mínimo interés de ser reproducido, deja el restante 14% de la progenie y cada hembra genera un descendiente. Se obtendrá una varianza en el tamaño familiar de 15

aproximadamente lo que implica un  $\Delta F$  de 0,5% y un  $N_e$  igual a 100 (Gráfico 14). Esta optimización puede realizarse en la práctica, manteniendo las tasas de coancestría constante a través de la generaciones, lo cual influirá en una pérdida controlada (dada la población) de variabilidad genética en el futuro de esta raza (Lacy, 1989).

## 7. Conclusiones

La amplia utilización de un pequeño grupo de reproductores ha generado una gran asimetría en las contribuciones de los fundadores, provocando tempranamente una gran pérdida del pool génico de la raza.

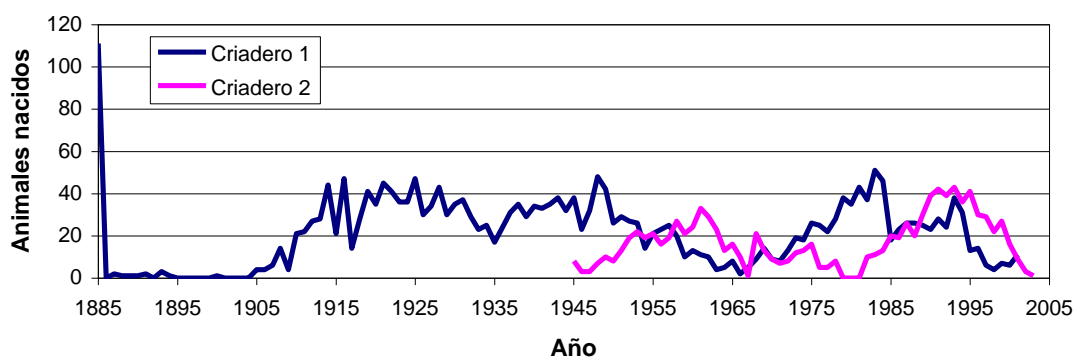
La pérdida de variabilidad en esta población aunque ha sido importante, no tendría un efecto relevante en la viabilidad de la población, pues se espera que el efecto de la selección permita inhibir el efecto detrimental de la consanguinidad.

Las diferencias encontradas entre las contribuciones genéticas y los coeficientes de consanguinidad, experimentadas en las condiciones presentes en estos criaderos de la raza, confirman las limitantes que posee el coeficiente de consanguinidad en la estimación de la variabilidad genética.

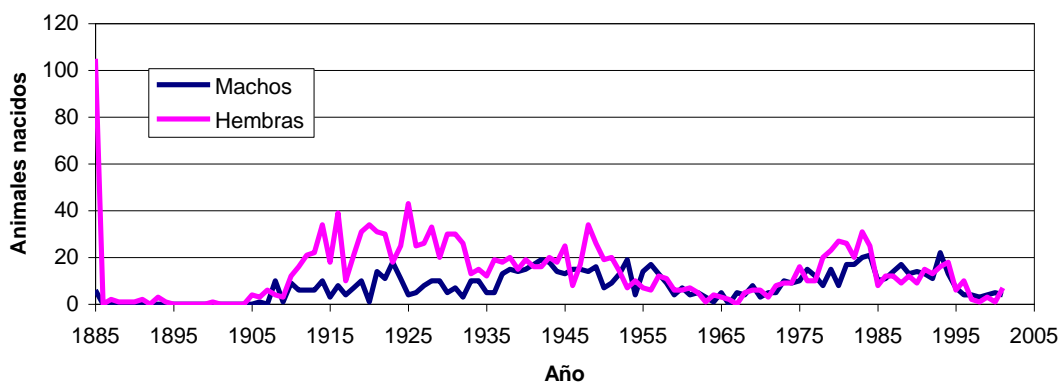
Es de interés realizar futuras investigaciones orientadas a determinar la variabilidad genética total de la raza, pues esto indicaría el potencial pool génico al que puede acceder cada criadero, así como también a establecer estrategias para mantener la variabilidad genética dentro de los criaderos.

## Anexo

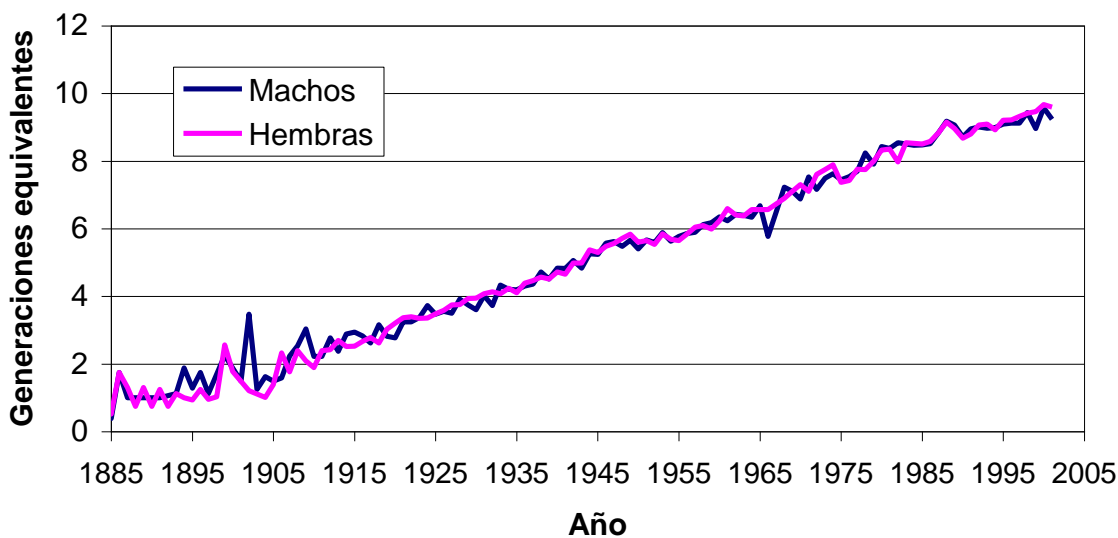
**Gráfico 1:** Número total de animales nacidos por año en el Criadero 1 y 2.



**Gráfico 2:** Número de machos y hembras nacidas por año, Criadero 1.



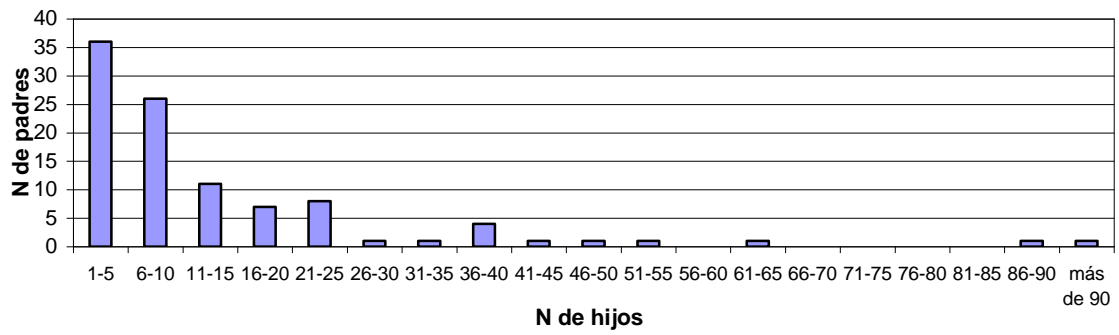
**Gráfico 3:** Generaciones equivalentes, proporción de generaciones completas que se conoce de cada individuo (Woolliams y Mäntysaari, 1995) según año de nacimiento. Criadero 1.



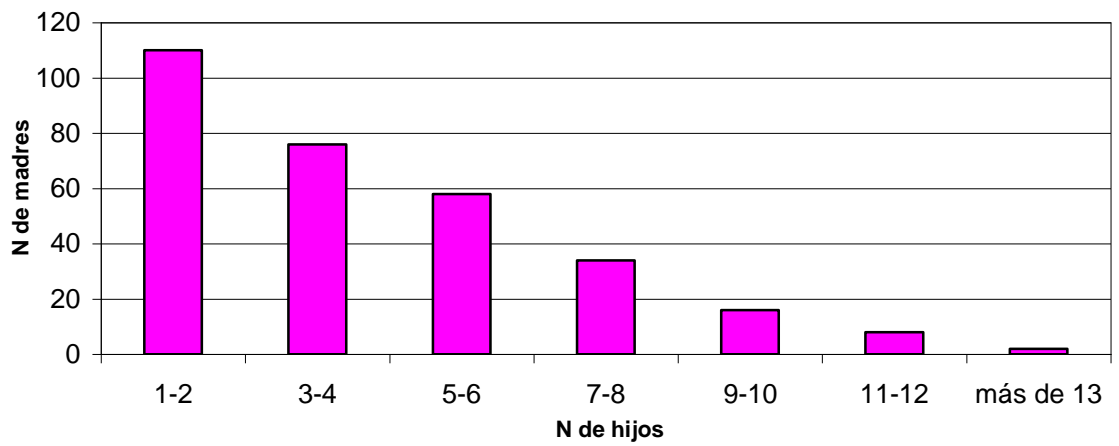
**Tabla 1:** Porcentaje de Padres y Madres provenientes del criadero u otro criadero y porcentaje de descendientes del total del criadero, que deja cada grupo. Porcentaje de machos y hembras nacidos en el criadero que dejan y no dejan descendencia, Criadero 1.

Padres	Del Criadero			Total	Madres	Del Criadero			Total
	Del Criadero	De afuera	Total			Del Criadero	De afuera	Total	
Nº	80	72	152		Nº	529	54	583	
%	53	47	100		%	91	9	100	
N Hijos	1944	517	2461		N Hijos	2293	104	2397	
%	79	21	100		%	96	4	100	
Machos del Criadero					Hembras del Criadero				
	s/ progenie	c/ progenie	Total			s/ progenie	c/ progenie	Total	
Nº	837	80	917		Nº	1064	529	1593	
%	91	9	100		%	67	33	100	

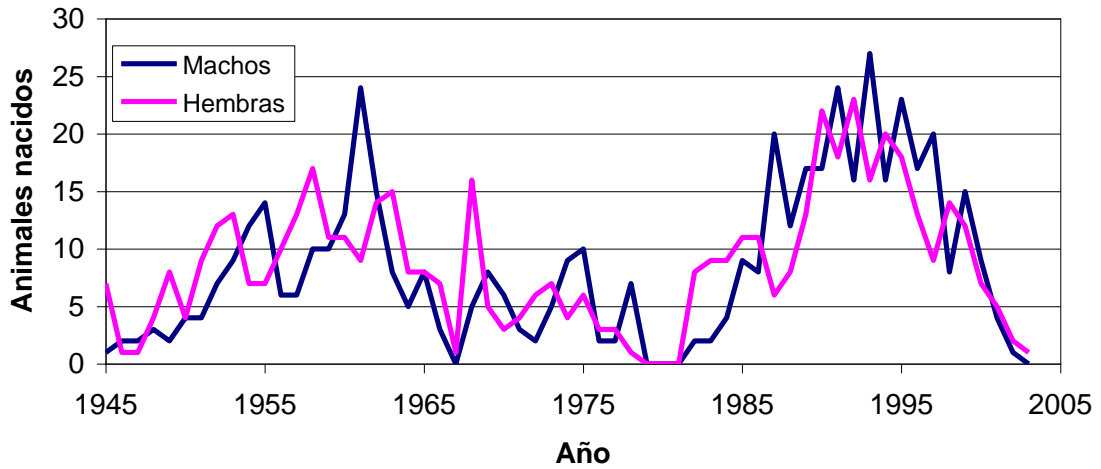
**Gráfico 4:** Histograma que presenta la frecuencia de Padres según rango de número de hijos, Criadero 1.



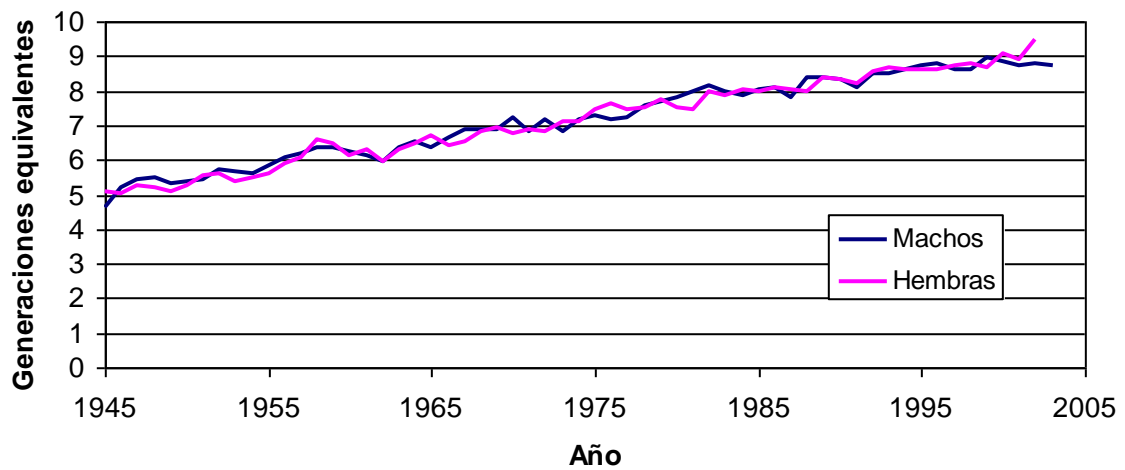
**Gráfico 5:** Histograma que presenta la frecuencia de Madres según rango de número de hijos, Criadero 1.



**Gráfico 6:** Número de machos y hembras nacidas por año, Criadero 2.



**Gráfico 7:** Generaciones equivalentes, proporción de generaciones completas que se conoce de cada individuo (Wooliams y Mäntysaari, 1995), según su año de nacimiento. Criadero 2.

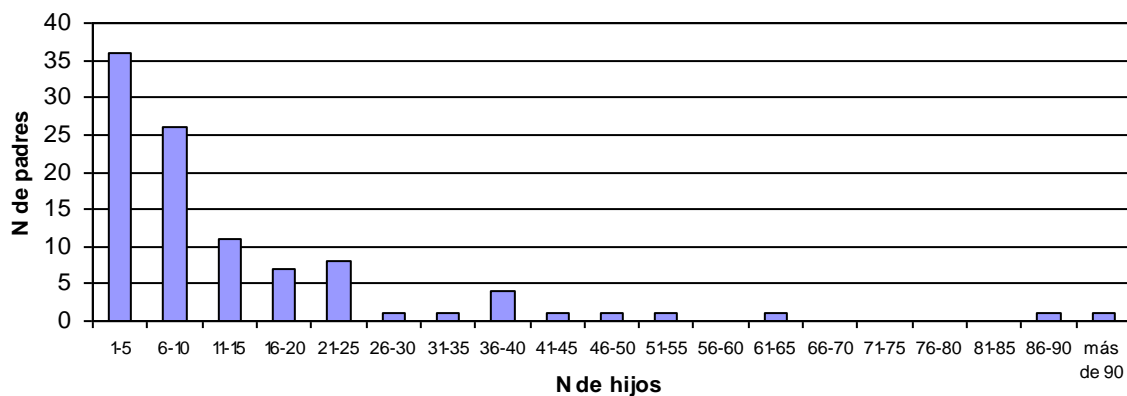




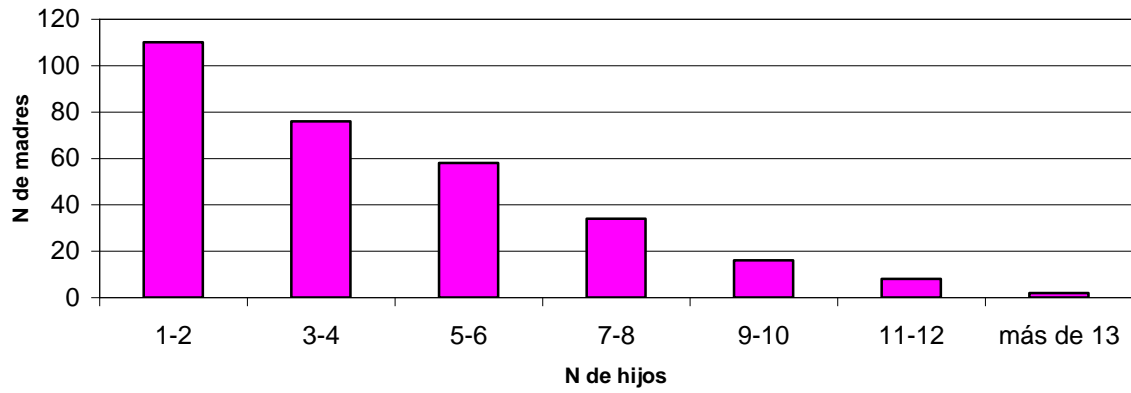
**Tabla 2:** Porcentaje de Padres y Madres provenientes del criadero u otro criadero y porcentaje de descendientes del total del criadero, que deja cada grupo. Porcentaje de machos y hembras nacidos en el criadero que dejan y no dejan descendencia, Criadero 2.

<b>Padres</b>				<b>Madres</b>			
	Del Criadero	De afuera	Total		Del Criadero	De afuera	Total
Nº	20	90	110	Nº	186	118	304
%	18	82	100	%	61	39	100
N Hijos	209	799	1008	N Hijos	552	456	1008
%	21	79	100	%	55	45	100
<b>Machos del Criadero</b>				<b>Hembras del Criadero</b>			
	s/ progenie	c/ progenie	Total		s/ progenie	c/ progenie	Total
Nº	478	20	498	Nº	424	186	610
%	96	4	100	%	70	30	100

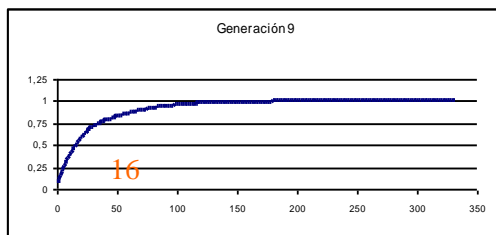
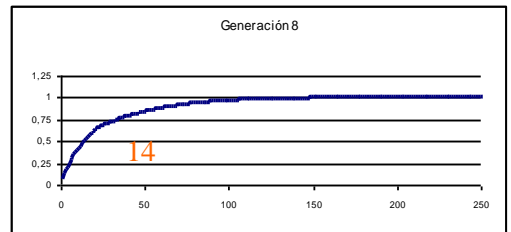
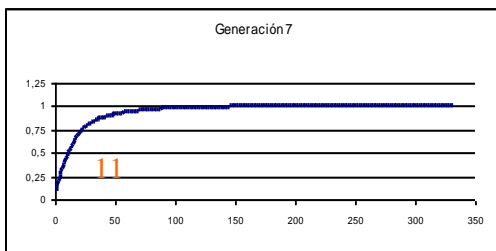
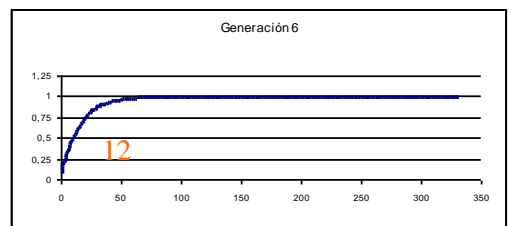
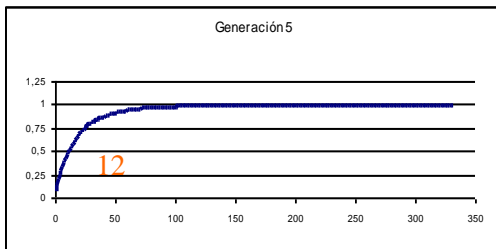
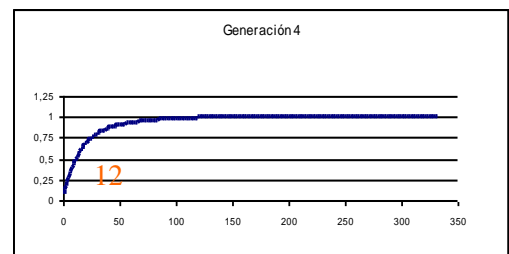
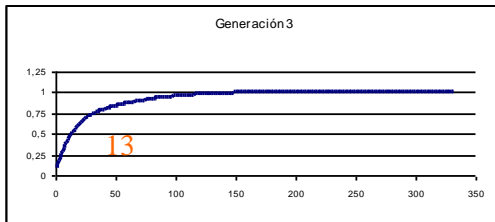
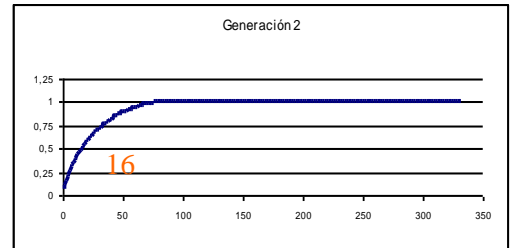
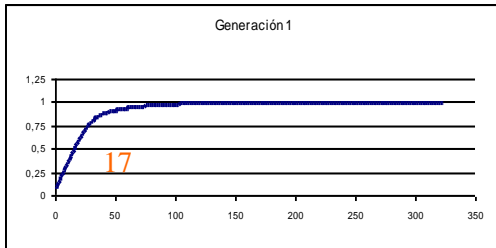
**Gráfico 8:** Histograma que presenta la frecuencia de Padres según rango de número de hijos, Criadero 2.



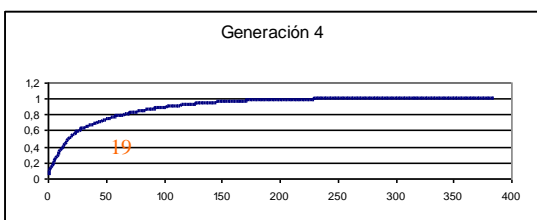
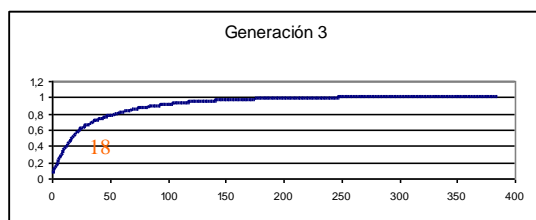
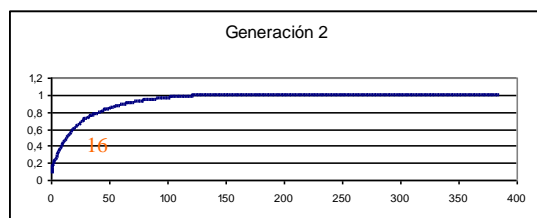
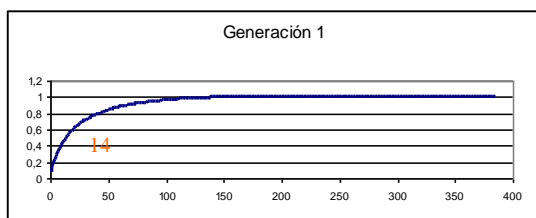
**Gráfico 9:** Histograma que presenta la frecuencia de Madres según rango de número de hijos. Criadero 2.



**Gráfico 10:** Contribución acumulada desde el fundador con mayor contribución al con menor contribución. El eje de las X representa el número de fundadores y el de las Y la contribución. En cada generación se indica el número de fundadores que contribuyen con el 50% del pool génico; Criadero 1.



**Gráfico 11:** Contribución acumulada desde el fundador con mayor contribución al con menor contribución. En el eje de las X representa el número de fundadores y el de las Y la contribución acumulada. En cada generación se indica el número de fundadores que contribuyen con el 50% del pool génico; Criadero 2.



## Bibliografía

1. Ballou J.D., Lacy R. C., 1995. Identifying genetically important individuals for management of genetic diversity in pedigreed populations. In: J.D. Ballou, M. Gilpin, and T.J. Foose (eds.), Population Management for Survival & Recovery. Analytical Methods and Strategies in Small Population Conservation. Columbia University Press, New York. pp. 76-111
2. Biedermann G. y Schorter S., 2003. Analysis of the population of Black Forest horses. Zuchtungskunde, 75 (1), 1-8.
3. Bijma, P., Woolliams J. A., 1999. Prediction of genetic contributions and generation Intervals in populations with overlapping generations under selection. Genetics, 151 (3), 1197-1210.
4. Boichard D., Maginel L., y Verrier E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genet. Sel. Evol. 29:5-23.
5. Chevalet C., De Rochambeau H., 1985. Predicting the genetic drift in small populations. Livest. Prod. Sci., 13, 207-218.
6. Cunningham E. P., 1991. The genetics of Thoroughbred horses. Scientific American, May, 56-62.
7. Cunningham E. P., Dooley J. J., Splan R. K., y Bradley D. G., 2001. Microsatellite diversity, pedigree relatedness and the contributions of founder lineages to Thoroughbred horses. Genetics, 32, 360-364.
8. Falconer D. S., Mackay T. F. C., 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th. edition Longman. Essex. England.
9. Glazewska I., Jezierski T., 2004. Pedigree analysis of Polish Arabian horses based on founder contributions. Livest. Prod. Sci., 90, 293-298.
10. Guterrez J., Altarriba J., Diaz., Quintanilla R., Cañon J., Piedrafita J., 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. Genet. Sel. Evol. 35, 43-63.
11. James J. W., McBride G., 1958. The spread of genes by natural and artificial selection in a closed poultry flock. Journal of Genetics 56, 55-62.
12. Lacy R. C., 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. Zoo. Biol. 8, 111-123.
13. Lynch, M. and Walsh, B., 1998. Genetics and Analysis of Quantitative Traits. Sunderland, MA: Sinauer.
14. Maroo, S., 1999. A genetic analysis of the Exmoor pony population. Msc thesis U. de Edinburgo.
15. Meuwissen T.H.E. y Lou Z., 1992. Computing inbreeding coefficient in large population. Genet. Sel. Evol. 24, 305-313.
16. O`toole, H. Brophy, P. Kelleher, D. Aldridge, L. Quinn, K., 2001. Characterization of the Irish Draught Horse Population in Ireland. Report presented to The Department of Agriculture, Food and Rural Development, Agriculture House, Kildare St., Dublin 2. [www.irishdraught.ie/rid-ucd-report.asp](http://www.irishdraught.ie/rid-ucd-report.asp) revisado en Junio de 2005.

17. Porte F. E., Magofke S. J. C. y Donoso V. V., 1985. Nivel de consanguinidad en el caballo criollo chileno y parentesco con los principales reproductores de la raza. *Avances en prod. Animal* 10 (1-2), 101-109.
18. Porte F. E. y Mansilla M. A., 1991. Análisis de los registros genealógicos de la raza equina criolla chilena. III. Niveles de consanguinidad de la población y parentesco con los principales reproductores de la raza. *Avances en prod. Animal* 16(1-2), 139-147.
19. Porte F. E., Mansilla M. A. y Pinochet Ch. R., 2000. Evolución del nivel de consanguinidad y grado de parentesco de la raza caballar criolla chilena en el período 1893 – 1997. *Avances en prod. Animal* 25(1-2), 69-76.
20. Sanchez L., Toro. M. A., García C., 1999. Improving the efficiency of artificial selection: More selection pressure with less inbreeding. *Genetics*. 151: 1103-1114.
21. Safari E., James J. W., 2002a. Pedigree analysis of selected lines of Merino sheep. 1. Inbreeding. *Aust. J. Agric. Res.*, 53, 771-778.
22. Safari E., James J. W., 2002b. Pedigree analysis of selected lines of Merino sheep. 2. Gene contributions. *Aust. J. Agric. Res.* 53, 955-964.
23. Sorensen A. C., Sorensen M. K., Berg P., 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *J. Dairy Sci.* 88, 1865-1872.
24. Toro M., y A. Mäki-Tanila., 1999. Establishing a conservation scheme. In : *Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources*. Oldenbroek, J.K. (Ed). DLO Institute of Animal health. 8200 AB Lelystad. The Netherlands.
25. Tunnell J. A., Sanders J.O., Williams J.D. y Potter G. D., 1983. Pedigree analysis of four decades of Quarter horse breeding. *J. Anim. Sci.* 57, N° 3, 585 – 593.
26. Valera M., Molina A., Guitierrez J. P., Gomez J. y Goyache F., 2005. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livest. Prod. Sci.*, 95, 57-66.
27. Woolliams J. A., Mäntysaari E. A., 1995. Genetic contributions of Finnish Ayrshire bulls over four generations. *Animal Sci.* 61, 177-187.
28. Woolliams J. A., Thompson R., 1994. A theory of genetic contributions. *Proc. 5<sup>th</sup> World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod.* IX, Guelph, Canada. 127-134.
29. Zechner P., Sölkner J., Bodo I., Druml T., Baumung R., Achmann R., Marti E., Habe F., y Brem G., 2002. Analysis of diversity and population structure in the Lipizzan horse breed based on pedigree information. *Livest. Prod. Sci.*, 77, 137-146.