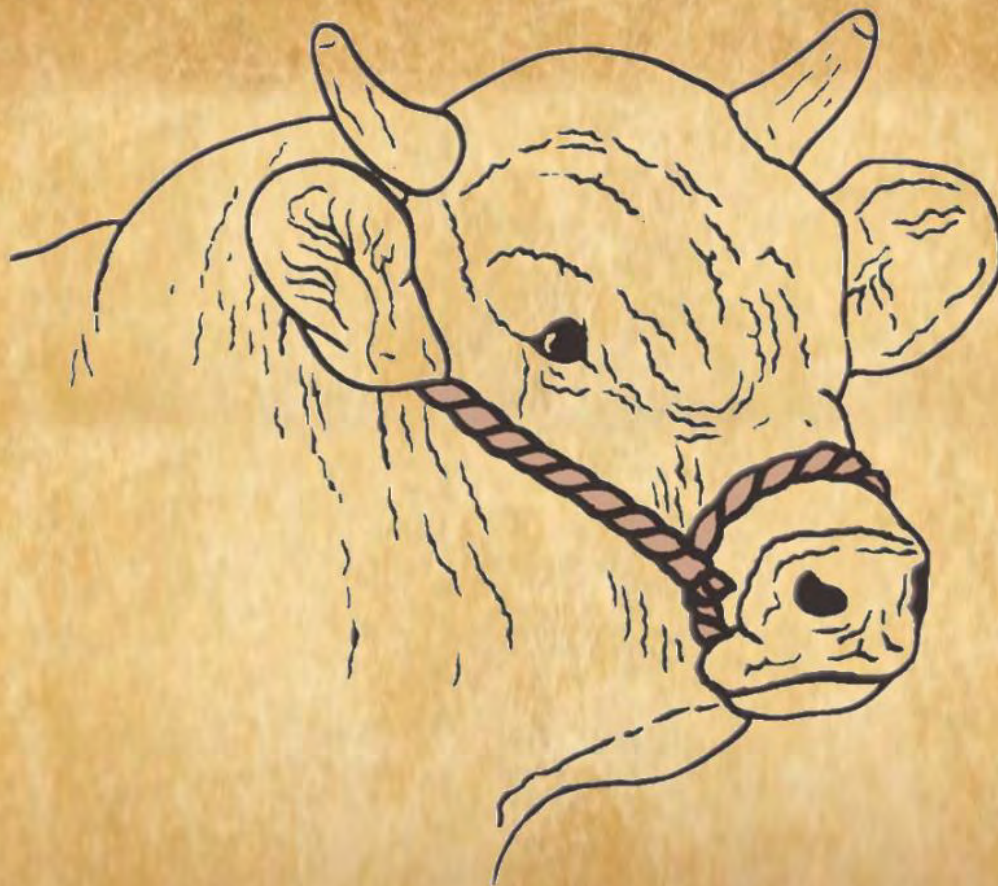


Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro (AMCGSR)



Análisis de la Estructura Genética de la Población Suizo Europeo

Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA)
Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios, A.C. (CONARGEN)
Universidad Autónoma Chapingo - AMCGSR



2016

Chapingo, México, 15 de febrero de 2017

Análisis de la Estructura Genética de la Población Suizo Europeo 2016

CONSEJO DIRECTIVO

PRESIDENTE	SR. ANTONINO DUARTE DÍAZ
SECRETARIO	C.P. LUIS ANTONIO MORENO LIRA
TESORERO	ING. MARIO CAMARENA GONZÁLEZ RUBIO
CONSEJEROS	SR. MARCO ANTONIO BARBA ARROCHA
	SR. JOSÉ ANTONIO LÓPEZ MANRÍQUEZ
	SR. CRISTIAN JAIRO MUÑOZ MARQUEZ
	LIC. GABRIEL LEGORRETA STEPHEN
	MVZ. CUAUHTÉMOC MASTACHI AGUARIO
	SR. HECTOR JESUS CORTES MONFORTE

CONSEJO DE VIGILANCIA

PRESIDENTE	ING. LEOPOLDO GARZA MORENO
SECRETARIO	C.P. PEDRO MARTIN NAVARRO DOMINGUEZ
VOCAL	SR. DAMIAN GARCIA CRUZ

DELEGADOS ANTE LA CONFEDERACIÓN NACIONAL DE ORGANIZACIONES GANADERAS

PROPIETARIO	SR. ANTONINO DUARTE DÍAZ
SUPLENTE	ING. HECTOR DE JESUS VEGA RODRIGUEZ
PROPIETARIO	ING. LEOPOLDO GARZA MORENO
SUPLENTE	MVZ. CUAUHTÉMOC MASTACHI AGUARIO

COORDINADOR Y RESPONSABLE DEL PROYECTO EVALUACIONES
GENÉTICAS DEL GANADO SUIZO,
ASOCIACIÓN MEXICANA DE CRIADORES DE GANADO SUIZO DE REGISTRO
DR. JAIME DORANTES JIMÉNEZ

RESPONSABLES DEL ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA DE LA POBLACIÓN UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO

DR. RAFAEL NÚÑEZ DOMÍNGUEZ
DR. RODOLFO RAMÍREZ VALVERDE
DR. JOSÉ GUADALUPE GARCÍA MUÑIZ
M.C. JORGE ÁNGEL HIDALGO MORENO

Contenido

Antecedentes	5
I Análisis del pedigrí	7
Estructura del pedigrí	8
Tendencia del coeficiente de consanguinidad y del coeficiente de relación genética aditiva promedio	11
Estadísticos de F	14
Ancestros con mayor aportación porcentual a la variabilidad genética en la población	15
II Parámetros descriptivos del análisis de pedigrí	16
Intervalo Generacional	16
Tamaño efectivo de la población	17
Número efectivo de fundadores y ancestros	19
III Literatura Citada	20

Lista de Cuadros

Cuadro 1. Número y sexo de animales en los diferentes niveles de consanguinidad para la población de ganado Suizo Europeo.	12
Cuadro 2. Estadísticos de F entre los hatos de la población de ganado Suizo Europeo.	15
Cuadro 3. Ancestros con mayor aportación porcentual a la variabilidad genética de la población de ganado Suizo Europeo.	15
Cuadro 4. Parámetros descriptivos del análisis de pedigrí de la población de ganado Suizo Europeo.	18
Cuadro 5. Incremento en consanguinidad y tamaño efectivo de la población (N_e) para la población de ganado Suizo Europeo.	18

Lista de Figuras

Figura 1. Estructura del pedigrí de la población de ganado Suizo Europeo de acuerdo con la disponibilidad de ancestros.	10
Figura 2. Tendencia del coeficiente promedio de consanguinidad y de la relación genética aditiva a través de los años para la población de ganado Suizo Europeo.	13
Figura 3. Número de ancestros que determinan el 50% de la variabilidad en el pedigrí de la población de ganado Suizo Europeo.	16

Antecedentes

La diversidad genética de una población o raza puede ser afectada por los efectos del cambio climático (como, por ejemplo, la emergencia de nuevas enfermedades o plagas, lo errático de la precipitación pluvial y sus efectos en la disponibilidad de agua y forrajes) y por el uso de un número reducido de reproductores altamente seleccionados. Lo anterior, representa una amenaza para la producción de alimentos y la seguridad alimentaria de una población humana en expansión.

La variabilidad genética puede estudiarse a través de la estimación de la varianza genética para características cuantitativas, el análisis de datos genealógicos (análisis de pedigrí) o el uso de marcadores genéticos en la población. De estos métodos, el más utilizado en la determinación de variabilidad genética es la obtención de la varianza genética; sin embargo, el análisis de pedigrí en poblaciones de animales es importante, ya que permite cuantificar las relaciones genealógicas entre los animales, así como la estructura y dinámica de las poblaciones.

Hasta la fecha se han desarrollado muchos programas computacionales especializados en el análisis de pedigrí; ENDOG (Gutiérrez y Goyache, 2005) es uno de los más utilizados y permite obtener estimaciones de parámetros genético-poblacionales que ayudan a explicar la variabilidad. Algunos parámetros importantes son: coeficiente de consanguinidad, tamaño efectivo de la población, intervalo generacional, relación genética aditiva promedio, heterocigosidad esperada, integridad del pedigrí, contribución de las subpoblaciones al total de la diversidad, y número efectivo de fundadores y ancestros.

El estudio y mantenimiento de la diversidad de los recursos genéticos es importante para su aplicación en todos los sistemas de producción, ya que proporcionan la materia prima para la mejora de la raza y la adaptación a las circunstancias cambiantes. Según lo publicado en estudios moleculares recientes, la diversidad genética actual estimada en las poblaciones autóctonas de ganado, es superior a la estimada en sus contrapartes comerciales (FAO, 2007). Con la puesta en marcha de evaluaciones genéticas utilizando la metodología del modelo animal, se ha logrado

Análisis de la Estructura Genética de la Población Suizo Europeo 2016

identificar a los animales con valor genético superior, y con la implementación de técnicas reproductivas se puede diseminar ampliamente este material genético, lo que influye en la variabilidad genética de la raza.

Debido a lo anterior, es posible que, con el paso del tiempo, la variabilidad genética en algunas poblaciones bovinas de México esté en decremento, por lo que el objetivo del presente análisis fue determinar la estructura y variabilidad genética de la población de ganado Suizo Europeo, mediante el análisis de pedigrí. El presente Análisis de la Estructura Genética de la Población Suizo Europeo 2016, es producto de la colaboración entre la Asociación Mexicana de Criadores de Ganado Suizo de Registro. (AMCGSR) y la Universidad Autónoma Chapingo, es un honor presentar los resultados, en pro de la contribución en la disposición de herramientas de utilidad para el mejoramiento genético eficaz del ganado Suizo Europeo en México.

I Análisis del pedigrí

En el presente análisis de la estructura genética de la población de ganado Suizo Europeo fueron utilizados registros de pedigrí de la base de datos de la AMCGSR, misma que fue enviada a través de la empresa RON B Consultores e Informática, S.C. Los reportes incluyeron los antecedentes genealógicos de los animales, la identificación del animal de acuerdo con el propietario, el sexo, el número de registro asignado por la Asociación, la fecha de nacimiento y el rancho al que pertenece. El pedigrí estuvo compuesto por 184,788 animales nacidos entre 1927 y 2016 en 648 ranchos ubicados en 26 entidades federativas de la República Mexicana y en el extranjero. En el pedigrí, el número de animales consanguíneos fue 103,987 (56.27%), con un coeficiente de consanguinidad promedio de 2.7%, en un rango de 0.0001% a 52.45%.

Los cálculos de los coeficientes de consanguinidad para cada animal, las estimaciones de la población base, el tamaño efectivo de la población base, la consanguinidad promedio esperada, el número de animales en la población de referencia, el número efectivo de ancestros y sus aportaciones porcentuales, e intervalos generacionales fueron obtenidas con el programa ENDOG 4.8. Se consideró como población base a aquellos animales con al menos un padre desconocido. La población de referencia fue constituida por animales nacidos desde 2006 hasta la última fecha de registro (31 de julio de 2016), es decir, animales nacidos durante los últimos 10 años, por considerarse los potencialmente vivos.

Estructura del pedigrí

Hay dos formas para describir el nivel de integridad del pedigrí: la primera, calculando la proporción de padres, abuelos, bisabuelos y tatarabuelos conocidos, y la segunda, estimando el número de generaciones máximas, completas, y completas equivalentes. Una generación completa es definida como la generación más lejana en donde todos los ancestros son conocidos. Los ancestros con padres desconocidos son considerados como fundadores (generación cero). La generación máxima trazada es el número de generaciones separando al animal de su ancestro más lejano. Las generaciones completas equivalentes son calculadas como la suma de los coeficientes $(1/2)^n$ de todos los antepasados conocidos, donde n es el número de generaciones separando al animal del ancestro.

La tasa de genealogías conocidas refleja la cantidad y calidad de información de los animales inscritos en los “libros genealógicos”; el conocimiento de la calidad del pedigrí es importante no sólo por su propiedad informativa sobre la cantidad de ancestros y generaciones conocidas, sino también porque influyen en la estimación de otros parámetros que son sensibles a la calidad de la información genealógica disponible.

De acuerdo con la estructura del pedigrí, el 88.18% de los animales tiene identificación del padre y el 86.83% de la madre. Más de 76% de los animales cuenta con la identificación de abuelos y más de 63% de los animales tiene la identificación de los bisabuelos. Respecto a la identificación de tatarabuelos, más de 48% de los animales la presentan (Figura 1). En resumen, la integridad del pedigrí de la población de ganado Suizo Europeo fue de 87.50%, 80.06%, 73.05%, 63.18% y 50.22% para las generaciones uno, dos, tres, cuatro y cinco, respectivamente.

El número de ancestros conocidos a través de las generaciones en el pedigrí de la población de ganado Suizo Europeo fue ligeramente superior para los machos, lo cual denota que la captura de información genealógica no ha sido equitativa en lo que se refiere al sexo. El valor promedio para el número de generaciones máximas, completas, y completas equivalentes fue de 8.50, 2.37 y 4.28, respectivamente. De estos

Análisis de la Estructura Genética de la Población Suizo Europeo 2016

tres indicadores generacionales, el mejor criterio para caracterizar la información de pedigrí es el número de generaciones completas equivalentes.

Considerando el valor promedio estimado para el número de generaciones completas equivalentes en el presente análisis (4.28), aunado a que en la cuarta generación se conoce entre 48.74% y 78.49% de los ancestros, se puede concluir que existe la oportunidad de continuar capturando datos para mejorar la calidad y cantidad de la información genealógica en la población de ganado Suizo Europeo. Lo anterior, con base en valores encontrados en la literatura científica para los mismos parámetros poblacionales en bovinos para carne, los cuales son superiores; por ejemplo, valores de hasta 9.3 para el número de generaciones completas equivalentes y superiores a 90% para el número de ancestros conocidos en la cuarta generación del pedigrí.

Análisis de la Estructura Genética de la Población Suizo Europeo 2016

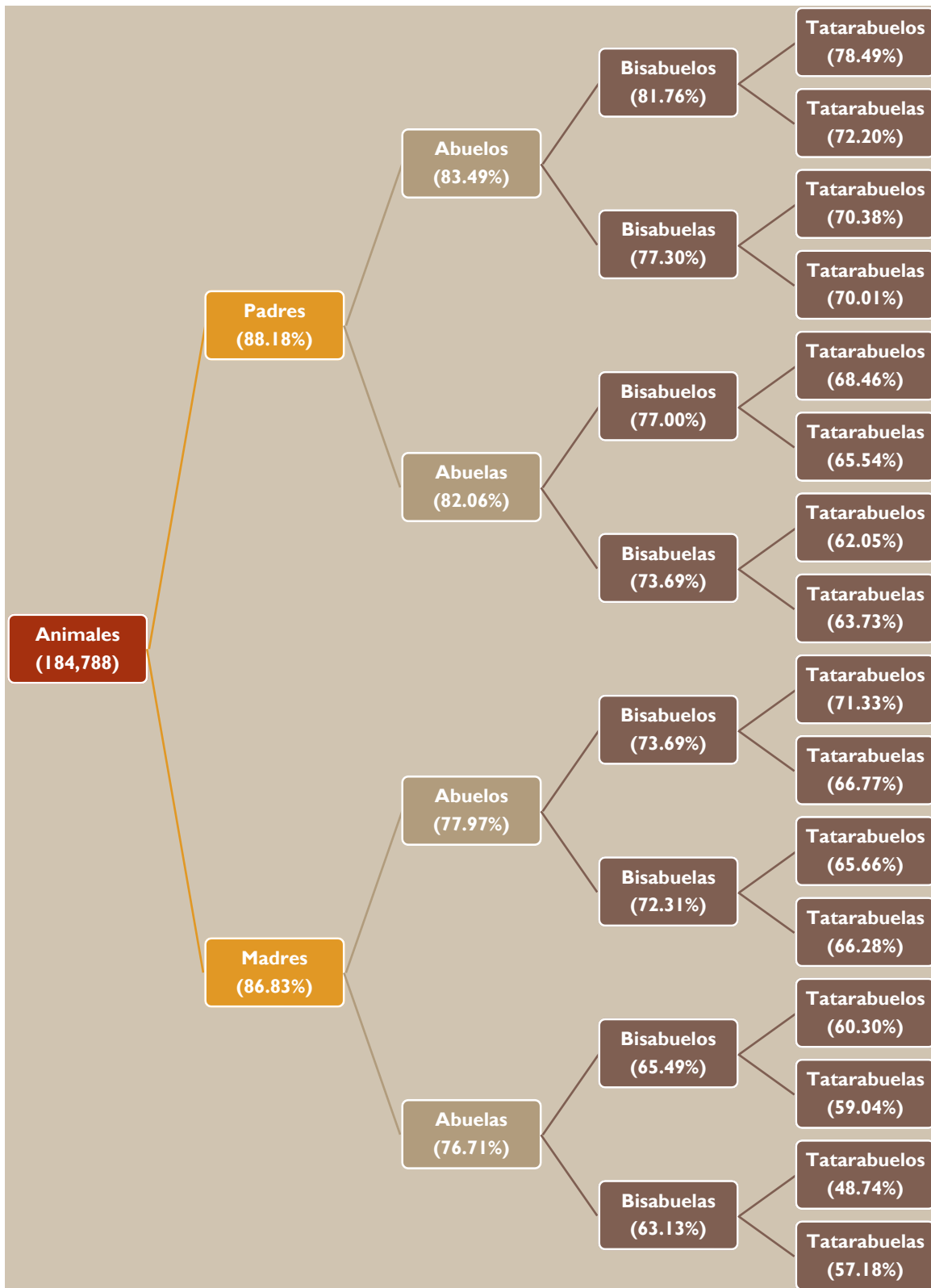


Figura 1. Estructura del pedigrí de la población de ganado Suizo Europeo de acuerdo con la disponibilidad de ancestros.

Tendencia del coeficiente de consanguinidad y del coeficiente de relación genética aditiva promedio

La consanguinidad es el resultado del apareamiento entre animales que están emparentados debido a que tienen ancestros en común. La consecuencia de que dos individuos tengan un ancestro común, es que ambos pueden llevar copias de uno de los genes presentes en el ancestro, y si se aparean, la progenie consanguínea llevará dos genes en un *locus* (lugar donde se encuentra un gen en el cromosoma) que son réplicas de un mismo gen; es decir, la progenie será homocigota para uno a más genes, dependiendo de la cercanía en el parentesco de los padres. Por ejemplo, si los padres son medios hermanos, su parentesco o relación genética aditiva, es de 25%, por lo que la progenie de este apareamiento tendrá una consanguinidad de 12.5%; o sea que 12.5% de todos los pares de genes del animal serán homocigotos por descendencia de ancestros en común.

En general, el efecto de la consanguinidad trae consigo una reducción en el comportamiento reproductivo y productivo del animal, debido a que se pueden juntar genes con efectos recesivos que sólo se expresan cuando están junto a otro igual; la mayor parte de los genes recesivos se han mantenido ocultos en animales portadores (heterocigotos, con un gen dominante y el otro recesivo) y tienen efectos indeseables.

Los valores promedio de consanguinidad en la población y el porcentaje de animales consanguíneos dan una idea de la situación general en la raza estudiada. Una idea más precisa se puede obtener al considerar la distribución de los animales con base en los valores de sus consanguinidades individuales. La mayoría (92.82%) de los animales fueron no consanguíneos (103,987) o con consanguinidad $\leq 6.24\%$ (90,728). Generalmente, 6.25% es el nivel de consanguinidad a partir del que se pueden mostrar consecuencias importantes en los animales, debido a depresión endogámica (reducción en el comportamiento productivo y reproductivo).

La distribución de la consanguinidad a través de sexos fue de 49,073 machos consanguíneos (47.20% de los animales consanguíneos) con un

Análisis de la Estructura Genética de la Población Suizo Europeo 2016

intervalo de 0.0002 a 41.50% y de 54,914 hembras consanguíneas (52.80% de los animales consanguíneos) con un intervalo de 0.0001 a 52.54%. La distribución del número de animales con diferente consanguinidad y sexo se presenta en el Cuadro 1. Los niveles y tendencias de la consanguinidad a través del tiempo se presentan en la Figura 2. Cabe señalar que la consanguinidad promedio estimada por año se ha mantenido con ligeras variaciones durante los últimos 10 años, pasando de 2.2% en 2005 a 2.8% en 2015.

El promedio de consanguinidad en la población total (184,788 individuos) de ganado Suizo Europeo fue 1.5% y el promedio de consanguinidad en los animales consanguíneos (103,987 individuos) fue 2.7%. Los niveles de consanguinidad en la población de ganado Suizo Europeo, en general, son relativamente bajos; sin embargo, es importante seguir supervisando que no existan incrementos importantes de la consanguinidad en la población. En este contexto, es importante considerar que debido a que en la quinta generación se conoce el 50.22% de los ancestros, puede existir una subestimación en la magnitud del coeficiente de consanguinidad, por ende, es recomendable incrementar la integridad del pedigrí (conocimiento de la mayor parte de los ancestros).

Cuadro 1. Número y sexo de animales en los diferentes niveles de consanguinidad para la población de ganado Suizo Europeo.

Población Total			
Nivel de Consanguinidad	Machos	Hembras	Total, por nivel
0.00%	20,503	60,298	80,801
0.01 a 6.24%	42,955	47,732	90,727
6.25 a 14.99%	4,341	4,963	9,304
15.00 a 29.99%	1,664	2,153	3,817
30.00% o mayor	73	66	139
Total (animales consanguíneos)	49,073	54,914	103,987
Total	69,576	115,212	184,788
Población de Referencia			
Nivel de Consanguinidad	Machos	Hembras	Total, por nivel
0.00 %	1,037	1,021	2,058
0.01 a 6.24 %	18,177	19,090	37,267
6.25 a 14.99 %	1,536	1,574	3,110
15.00 a 29.99 %	600	640	1,240
30.00 % o mayor	28	26	54
Total (animales consanguíneos)	20,341	21,300	41,671
Total	21,378	22,351	43,729

Análisis de la Estructura Genética de la Población Suizo Europeo 2016

El coeficiente de relación genética aditiva promedio es un buen indicador de la consanguinidad a largo plazo en una población. La consanguinidad de un animal es un medio de la relación genética aditiva entre sus padres. Cuando el coeficiente de relación genética aditiva promedio en la población alcanza valores mayores que el coeficiente de consanguinidad, los apareamientos deben ser cuidadosamente planificados, para evitar apareamientos entre animales emparentados. En general, se recomienda que además de la calidad genética de los progenitores, se considere que se utilicen animales con un menor valor de coeficiente de relación genética aditiva promedio, permitiendo con ello mantener la variabilidad genética de la población y, por tanto, que los coeficientes de consanguinidad sean menores a largo plazo.

La evolución del coeficiente de relación genética aditiva promedio en la población Suizo Europeo se muestra en la Figura 2, apreciándose un incremento de 1986 a 1994. Sin embargo, desde 1994 los valores del coeficiente de relación genética aditiva promedio han sido menores que el coeficiente de consanguinidad y se mantuvieron estables. En la población Suizo Europeo el coeficiente de relación genética aditiva promedio fue de 1.1%, mientras que el coeficiente de consanguinidad promedio fue de 1.5%.

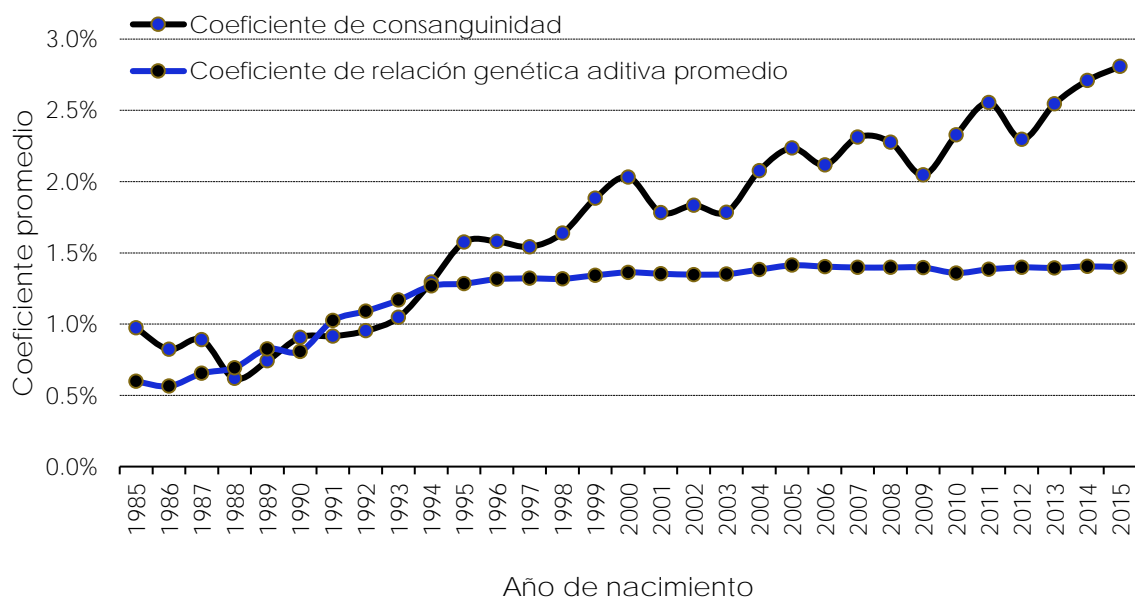


Figura 2. Tendencia del coeficiente promedio de consanguinidad y de la relación genética aditiva a través de los años para la población de ganado Suizo Europeo.

Estadísticos de F

Después de haber calculado el coeficiente de consanguinidad (F) con referencia a cierto grupo de animales considerado como población base, se puede conocer el valor de ese coeficiente referido a una población diferente. Para ello, la población total de ganado Suizo Europeo se subdivide en subpoblaciones que son los ranchos. Los estadísticos de F se utilizan para describir las poblaciones estructuradas jerárquicamente.

Un primer estadístico es la correlación entre los gametos que se unen para formar un animal en relación con los gametos de la población total, o, dicho de otro modo, es el coeficiente de consanguinidad medio del animal con respecto al de la población total de Suizo Europeo; este estadístico se representa como F_{IT} . Un segundo estadístico es el promedio para todos los ranchos, de la correlación entre los gametos que se unen para formar un animal en relación con los de su propio rancho, o el coeficiente de consanguinidad medio de un animal con respecto a su rancho; este estadístico se representa como F_{IS} . El estadístico F_{IS} expresa la presencia de apareamiento no aleatorio dentro de los ranchos; cuando $F_{IS} > 0$, se están produciendo apareamientos entre animales emparentados; por otro lado, cuando $F_{IS} < 0$, la frecuencia de apareamientos entre animales no emparentados es mayor.

El último estadístico es la correlación entre gametos aleatorios dentro de los ranchos, relativa a los gametos de la población total; es decir, es el coeficiente de consanguinidad medio de los ranchos con respecto a la población total de Suizo Europeo; este estadístico se representa como F_{ST} . El valor de F_{ST} se utiliza como medida de la distancia genética entre los ranchos, su valor está entre 0 y 1, y cuanto más alto es, más diferenciación genética hay entre subpoblaciones. Como guía de la diferenciación entre subpoblaciones o ranchos, se tiene lo siguiente:

$F_{ST} = 0$	no hay diferenciación genética
$= 0$ a 0.05	poca diferenciación genética
$= 0.05$ a 0.15	moderada diferenciación genética
$= 0.15$ a 0.25	gran diferenciación genética
$= > 0.25$	diferenciación genética muy grande

Análisis de la Estructura Genética de la Población Suizo Europeo 2016

= 1.0

fijación de genes en los animales de ranchos (algunos ranchos son homocigotos para ciertos genes y otros ranchos son homocigotos para otros genes)

En el Cuadro 2 se presentan los estadísticos de F para la población Suizo Europeo. Con base en el valor de F_{IS} (-0.0400), se puede concluir que en la población Suizo Europeo la presencia de apareamientos entre animales no emparentados es mayor que la presencia de apareamientos entre parientes. El valor de F_{ST} (0.0476) indica poca diferenciación genética entre los distintos hatos, debido, probablemente al uso de material genético en común, particularmente a través de semen o reproductores.

Cuadro 2. Estadísticos de F entre los hatos de la población de ganado Suizo Europeo.

Parámetro	
F_{IS}	-0.0400
F_{ST}	0.0476
F_{IT}	0.0095
Número de hatos	648

Ancestros con mayor aportación porcentual a la variabilidad genética en la población

Los ancestros con mayor aportación porcentual al pedigrí son 42 animales, y en su conjunto determinan el 50% de la variabilidad del pedigrí (Figura 3); sin embargo, sólo 12 animales determinan el 25.36% de la variabilidad genética (Cuadro 3).

Cuadro 3. Ancestros con mayor aportación porcentual a la variabilidad genética de la población de ganado Suizo Europeo.

Registro	Sexo	Nombre	Aportación al pedigrí
EB-1142-1	M	JORDAN 5510 MEILEN	3.12%
E009342-1	M	UELI	3.03%
EB-2249-1	M	DADO 11727 HEINZENBERG	2.95%
E009323-1	M	NORMANN	2.16%
E016885-2	H	LIDIA	1.99%
E008719-1	M	ARON	1.99%
E004424-1	M	RISS 4424-265 STEIN SG	1.90%
E6334-226-2	H	GUARDA 6334-226 GOSSAU SG	1.86%
E011048-2	H	BELLINA	1.71%
E007200-1	M	UELI HOMBRECHTIKON	1.64%
E008004-1	M	GINO 8004-2 SEVELEN	1.51%
9080-1	M	GINO 8540-094 ILLGAU	1.50%
Total			25.36%

Análisis de la Estructura Genética de la Población Suizo Europeo 2016

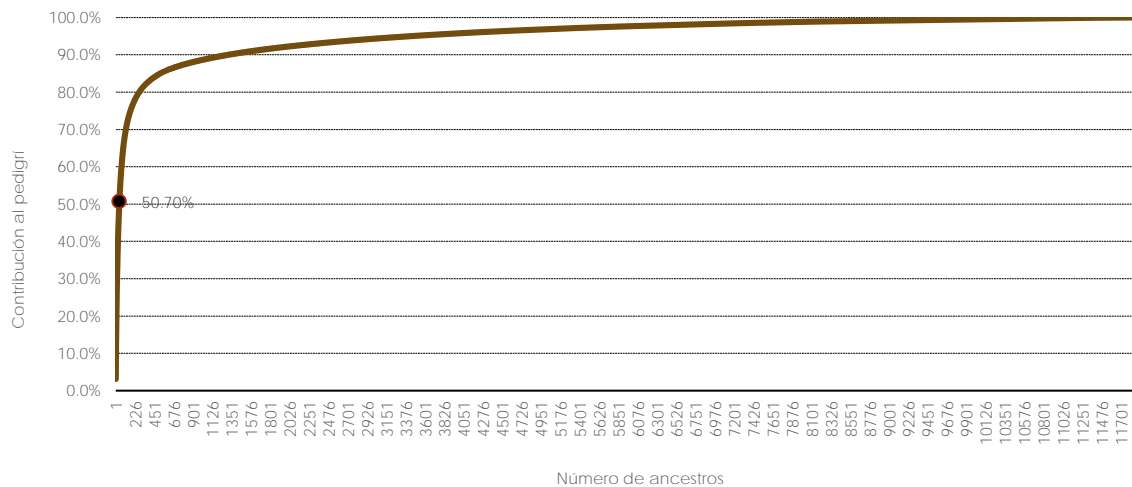


Figura 3. Número de ancestros que determinan el 50% de la variabilidad en el pedigrí de la población de ganado Suizo Europeo.

II Parámetros descriptivos del análisis de pedigrí

Intervalo Generacional

El intervalo generacional es definido como la edad media de los padres de los descendientes que están destinados a ser seleccionados como reemplazos; o una manera más simple de calcular el intervalo es a través del promedio de edad de los padres al momento del nacimiento de su descendencia. Por tanto, puede haber una diferencia entre estos dos tipos de intervalo generacional.

El intervalo generacional puede ser calculado por cuatro rutas gaméticas: padre-hijo, padre-hija, madre-hijo y madre-hija, y es promediado para obtener un intervalo generacional en la población. El intervalo generacional agrupado observado en la población de ganado Suizo Europeo fue de 6.42 años, mientras que el intervalo generacional calculado como la edad promedio de los padres cuando nacen los hijos fue de 6.57 años (Cuadro 4), valores que se encuentran dentro del rango de estimaciones encontradas en la literatura científica para esta raza.

Tamaño efectivo de la población

Técnicamente, el tamaño efectivo de la población, representado como N_e , se define como el número de animales que darían lugar a la misma tasa de incremento en consanguinidad por generación [$1/(2N_e)$] que si se aparearan bajo las condiciones de la población ideal (población de tamaño infinito, en la cual no existe migración, mutación, ni selección, las generaciones están separadas y no se traslapan, todos los animales tienen la misma probabilidad de aparearse y transmiten la misma cantidad de genes a la siguiente generación); es decir, esta población no existe, pero sirve para derivar una expresión del tamaño de la población en condiciones reales y su efecto en la tasa de consanguinidad por generación. El tamaño efectivo de la población es muy importante al monitorear montas y programas de apareamientos; afecta la depresión endogámica y pérdida de variabilidad genética, ya que, a mayor tamaño efectivo de la población, será menor el incremento en consanguinidad por generación.

Según la FAO (1998), para la preservación de las poblaciones es deseable contar con un tamaño efectivo de la población mínimo de 50, equivalente a un incremento de 1% en el coeficiente de consanguinidad por generación. Si el tamaño efectivo de la población es menor, se incrementa la homocigosis y con el paso del tiempo resulta en depresión endogámica e incrementa el riesgo de la extinción de la raza.

El tamaño efectivo de la población estimado para la población de ganado Suizo Europeo, a través de regresión sobre la fecha de nacimiento fue 124, por lo que se deduce que el incremento en consanguinidad por generación (0.40%) no ha repercutido drásticamente en el posible incremento de su homocigosis (Cuadro 5).

Análisis de la Estructura Genética de la Población Suizo Europeo 2016

Cuadro 4. Parámetros descriptivos del análisis de pedigrí de la población de ganado Suizo Europeo.

Población Total (animales)	184,778
Población base (animales con al menos un padre desconocido)	25,873
Población base real (animales con un padre desconocido)	23,091
Tamaño efectivo de la población base (animales)	403
Consanguinidad promedio esperada	0.12%
Consanguinidad promedio calculada	1.5 %
Número de ancestros que explican en 50% del pedigrí	42
Intervalos generacionales (años)	
Padre-hijo	8.19
Madre-hijo	6.95
Padre-hija	5.79
Madre-hija	5.95
Total	6.42
Edad media de los padres cuando nacen los hijos (años)	
Padre-hijo	7.12
Madre-hijo	6.99
Padre-hija	6.29
Madre-hija	6.11
Total	6.57
Población de Referencia (animales)	43,726
Años de nacimiento	2006-2016
Número de ancestros contribuyendo a la población de referencia	3,153
Número efectivo de fundadores	247
Numero efectivo de ancestros	88
Número de ancestros que explican en 50% del pedigrí	31
Número efectivo de ancestros/fundadores para la población de referencia	0.35

Cuadro 5. Incremento en consanguinidad y tamaño efectivo de la población (N_e) para la población de ganado Suizo Europeo.

Parámetro	
Población Total (animales)	184,788
Incremento en el coeficiente de consanguinidad	0.20%
N_e estimado por regresión sobre la fecha de nacimiento	245
Población de Referencia (animales)	43,729
Incremento en el coeficiente de consanguinidad	0.40%
N_e estimado por regresión sobre la fecha de nacimiento	124

Número efectivo de fundadores y ancestros

El número efectivo de ancestros se define como el número de ascendientes, fundadores o no, necesarios para explicar la constitución genética total de la población. La estimación de este parámetro tiene en cuenta que la contribución de los reproductores puede estar desequilibrada y considera, asimismo, los posibles “cuellos de botella” (reducciones drásticas en el tamaño de la población en ciertos años, con el consecuente incremento en consanguinidad) que haya podido experimentar la población estudiada, debido a un uso excesivo de algunos reproductores.

El valor del número efectivo de ancestros, en la población de referencia, fue menor que el número efectivo de fundadores (Cuadro 4), y el cociente número efectivo de ancestros/número efectivo de fundadores, es un indicador de “cuellos de botella” genéticos en la población; un valor cercano a 1 significa menores efectos de “cuello de botella” genético en la población. En el ganado Suizo Europeo, el valor del cociente mencionado anteriormente fue de 0.35, lo que implica que en ciertas generaciones se utilizó un reducido número de animales seleccionados como reproductores, afectando negativamente la diversidad genética en la población.

III Literatura Citada

FAO. 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk. FAO, Rome, Italy. 219 p.

FAO. 2007. The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. FAO. Rome. 511 p.

Gutiérrez, J. P., and F. Goyache. 2005. A note on Endog: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 122: 172-176.



ASOCIACIÓN MEXICANA DE CRIADORES DE GANADO SUIZO DE REGISTRO

ANDALUCÍA No. 162, COL. ÁLAMOS 03400 MÉXICO, D. F.

TEL. (55) 5538-1906, FAX (55) 5519-9395

www.amcgsr.com.mx

amcgsr@amcgsr.com.mx