

CONSANGUINIDAD EN EL TORO DE LIDIA.

(INBREEDING OF FIGHTING CATTLE).

por

Rodero A*, F. Alonso** y J. García Martín***

- * Departamento de genética y mejora. Facultad de veterinaria de Córdoba (España).
- ** Centro de Fomento Pecuario. Diputación Provincial de Cádiz. (Jerez de la Frontera).
- *** Departamento de biología. Facultad de veterinaria de Córdoba (España).

Palabras clave: Consanguinidad. Vacuno bravo. Genética patológica. Cataplejía.

Keywords: Inbreeding. Pathological genetics. Cataplexy.

Summary

Five herds of fighting caattle were examined about the inbreeding.

Inbreeding coefficients from pedigrees traced back as far as seven ancestral generations were calculated. Also was obtained the variation coefficient and the correlation between differents F values, and their respectively pedigree depth. We conclude that estimate value of F is equal to 0'12-0'13.

Finally, with data from two herds, the influence of the completeness index on F values was studied.

Resumen

Se ha estimado la consanguinidad de cinco ganaderías de toros de lidia a partir de las genealogías de hasta siete generaciones, así como sus coeficientes de variación y las correlaciones entre los valores de F para distintas profundidades de las genealogías. Los resultados obtenidos se comparan con los de otros autores para concluir que el valor más probable de consanguinidad actual puede oscilar, para F, entre 0'12 y 0'13.

Recibido para publicación el 13-5-1985.

Se estudia también en dos ganaderías el índice de integridad y su posible influencia en los valores de F.

En un trabajo anterior¹ planteábamos el problema de la consanguinidad en la raza de lidia desde la perspectiva de su relación con el fenómeno de la caída de dichos animales. Analizábamos la falta de concordancia entre el resultado obtenido por uno de nosotros (García Martín²) y los hallazgos obtenidos sobre la determinación genética del síndrome caída. Concluíamos, entre otras cuestiones, que esa falta de concordancia podía ser debida al escaso número de generaciones a partir de las cuales se habían obtenido los coeficientes de consanguinidad.

Por otra parte, Kidd et al.³, trabajando con 20 sistemas polimórficos, conseguían una consanguinidad media, para la raza de lidia, significativamente distinta de cero, de $0'171 \pm 0'03$, netamente superior a la conseguida por J. García Martín² ($0'069$), si bien ambas estimaciones, por los procedimientos aplicados en su consecución, no son totalmente superponibles en su significado.

Es necesario señalar que el hecho de que J. García Martín trabajase, en la mayor parte de los casos, para obtener los coeficientes de consanguinidad, con sólo 4 generaciones, está motivado, como ya señalaban Kidd et al.³, porque aunque muchos de los ganaderos de lidia son muy cuidadosos para los controles genealógicos, los guardan muy celosamente y es muy difícil disponer de ellos.

En el presente trabajo se pretende suministrar datos que clarifiquen, en alguna medida, interrogantes que quedaban pendientes en nuestro anterior trabajo. Para ello, hemos podido contar con datos de animales reproductores correspondientes a 5 ganaderos, de hasta 7 generaciones, en un total de 119 reproductores; es decir, datos genealógicos que incluyen aproximadamente 12.700 individuos.

De las 5 ganaderías consideradas, 3 de ellas (A, B y C) poseían prácticamente completa la genealogía hasta la 7ª generación, de tal forma que si se hubiese intentado ascender a una generación más, el número de antecesores con que se hubiese podido contar en esa octava generación hubiese sido muy pequeño.

De las otras dos ganaderías (D y E) se poseían datos hasta la 7ª generación pero de un modo incompleto, por lo que hemos creído conveniente darle un tratamiento separado.

Para uno y otro caso, se ha estimado el grado de acabado del árbol genealógico a través del índice de integridad de McCluer et al.⁴ :

$$I_d = \frac{4I_{dpat} + I_{dmat}}{I_{dpat} + I_{dmat}}$$

siendo I_{dpat} ó I_{dmat} , según se calcule por la línea paterna o materna, iguales a $\frac{1}{d} \sum_{i=1}^a a_i$ ($d = n^{\circ}$ de generaciones que se han considerado; y a_i , proporción de antecesores presentes en la generación i).

Resultados y discusión

Como se ha indicado, en las ganaderías A, B y C el índice de integridad, para 7 generaciones, era muy elevado: $I_7 = 0'98$. La situación en las ganaderías D y E es distinta, por lo que se ha creído conveniente darles un tratamiento diferenciado. En la tabla I se expone el análisis de los I_7 para las dos ganaderías, separando también los valores obtenidos de I_{7pat} e I_{7mat} . De esta tabla quisiéramos destacar, en primer lugar, cómo, en ambos casos, los índices en las líneas paternas resultan mayores que en las maternas, lo que indica que el ganadero de esta raza tiende a cuidar más la genealogía en los sementales machos que en las reproductoras hembras. La diferencia es significativa entre las dos poblaciones, tanto en el I_7 total, como en el de las dos líneas, paterna y materna.

La variabilidad de los coeficientes de integridad son también diferentes en una y otra ganadería, y manifiesta una tendencia a mayor variabilidad en la población con un grado de acabado bajo en su genealogía.

En la tabla II se expresan los coeficientes de consanguinidad para las distintas ganaderías y para el total de las tres primeras, que pueden considerarse relativamente homogéneas respecto al coeficiente de integridad. Estos coeficientes se expresan para las generaciones 4ª, 5ª, 6ª y 7ª.

Es fácil de observar que las diferencias entre ganaderías son significativas, aun en aquellos casos, como son las A y C, en las que los individuos que las constituyen presentan genealogía completa y al mismo tiempo poseen un número de animales aproximadamente igual. La explicación de estas diferencias puede venir de los distintos criterios de acoplamiento que pueda tener cada ganadero, así como de las diferencias entre ganaderías en cuanto al tamaño efectivo de la población que, de un modo natural, puede incidir en el incremento de la homocigosis. Efectivamente,

cuando se observan las genealogías de las distintas ganaderías se aprecian distintos esquemas de reproducción que aplica cada ganadero, aunque todos ellos hacen uso, al menos en las 7 primeras generaciones, de un número reducido de sementales, que aparecen tanto en la línea paterna como en la línea materna, aun cuando, si bien en una de las dos líneas aparece en generación baja (padres o abuelos), en la otra se remonta a generaciones más lejanas, en un intento de no originar una consanguinidad excesivamente elevada.

Hay que tener en cuenta (ver tabla II) que, en unos casos, el paso de la 4ª a la 5ª generación, y en otros, de la 6ª a la 7ª, produce un incremento notable del valor de F, que en algunas poblaciones llega a duplicarse. Ello indica que el aumento total de F, según aumente la profundidad del pedigree, es debido al efecto cumulativo de la consanguinidad remota, lo cual, como indican MacCluer et al.⁴ esta remota consanguinidad puede ser relativamente importante en la contribución a la homocigosis de los alelos favorables. Cothran et al.⁵ encuentran que cuando los animales tienen mayor diversidad en sus antecesores esto se manifiesta tanto por un nivel de consanguinidad más bajo como por mayor variabilidad de los valores de F.

También nosotros hemos encontrado relación entre el nivel del coeficiente de consanguinidad y sus respectivos valores de los coeficientes de variabilidad (tablas II y III). De cualquier forma, los valores obtenidos en las 3 ganaderías, para la 4ª generación de profundidad en la genealogía, son netamente inferiores a los que da García Martín (F = 0'07) para la media de la mayor parte de las ganaderías españolas, lo cual indica que las 3 ganaderías con que se ha trabajado no son representativas del total de poblaciones de raza de lidia. Las tres pertenecen a la zona andaluza; sin embargo, la tendencia en la variación de los F es demostrativa del nivel general. En la fig. 1 puede observarse tal tendencia, que es comparada con aquella que se produce en una investigación de caballos, según el trabajo de Boyce⁶. Desearíamos señalar, y así lo ha hecho este último autor, que el límite del coeficiente de consanguinidad no se alcanza hasta una profundidad en el árbol genealógico de 11 ó 12 generaciones, si bien a partir de la 7ª u 8ª generación el incremento es muy suave; por lo tanto, los valores obtenidos por nosotros, para el toro de lidia, se incrementarían aun algo más si se hubiese podido contar en el pedigree con algunas referencias más.

Ha de destacarse, también, que dentro de cada ganadería las diferencias de los F son muy acusadas de un individuo a otro; diferencias que

disminuyen según se incrementa la profundidad en el árbol genealógico. Así se pone de manifiesto en la tabla III, en la que además se observa que la alta variabilidad de la ganadería B queda, al menos en parte, explicada por el menor número de animales de ella con que se ha trabajado. En todos los casos estos últimos coeficientes de variación son bastante más elevados cuando se obtienen a partir de la F₅ que aquellos que corresponden a la F₇.

Para averiguar hasta qué punto los coeficientes de consanguinidad están determinados por los índices de integridad hemos obtenido la tabla IV, donde se manifiestan, para las dos ganaderías D y E, y para el total de las dos, los distintos valores que toma F para los diferentes intervalos de I₇. En los tres casos (las dos ganaderías y total) se produce un incremento de F según aumente el índice de integridad, aunque ello no explique totalmente las diferencias existentes entre las distintas ganaderías.

Los coeficientes de correlación entre F₇ e I₇, para las dos ganaderías, han sido:

Ganadería D: $r = 0'6907$; ganadería E: $r = 0'7323$

Los dos valores de r han resultado netamente significativos, lo que confirma lo observado en la tabla IV.

Si se observan los árboles genealógicos en estas dos ganaderías, se infiere que hay una tendencia a que los animales con coeficiente de consanguinidad iguales a cero sean los más incompletos en sus genealogías. Efectivamente, el IC₇ de los individuos que tienen F = 0 es igual a 0'5404, mientras que el IC₇ total, en las dos razas, resulta igual a 0'5766.

Dado que como queda demostrado en el trabajo de Macluer et al.⁴, los coeficientes de consanguinidad de los individuos de una población tienden a una distribución normal, lo que permite el análisis de correlación entre ellos, hemos querido determinar la correlación entre los F de los pedigrees según se utilicen 5 ó 7 generaciones, como niveles más representativos. Se han obtenido los coeficientes de correlación dentro de ganaderías, entre ganaderías y total, con los siguientes resultados:

$$r_{\text{dentro}} = 0'83 \quad r_{\text{entre}} = 0'84 \quad r_{\text{total}} = 0'79$$

Todos ellos muy significativos y demostrativos de que, si bien el paso de la 5ª a la 7ª generación en la genealogía eleva sustancialmente

el valor del coeficiente de consanguinidad (de $F_5 = 4'64$ a $F_7 = 6'79$, en el total de animales), el incremento se hace de una manera parecida y, por tanto, la consanguinidad de los pedigrees de 5 generaciones es representativa de los que serán los valores verdaderos cuando se alcance el límite de los F que, como sabemos, se consigue alrededor de 11 generaciones, si bien el incremento es pequeño a partir de la 7ª. No se puede decir otro tanto si se intenta determinar la relación entre los coeficientes de la 4ª y la 7ª generaciones, ya que tales coeficientes de consanguinidad, con profundidad en el pedigree de 4 generacines, en muchos individuos, son iguales a 0 (tabla V), por lo que los coeficientes de correlación no son significativos.

Volvemos a plantearnos el problema de la disparidad de resultados para los valores de consanguinidad, entre los que la han determinado a través de los datos genealógicos y los que la han obtenido por el análisis de un conjunto de sistemas polimórficos. Kidd et al.³ señalaban que las cifras obtenidas por ellos de $F = 0'17$, para el toro de lidia, podrían tenerdos diferentes explicaciones. Podrían reflejar la consanguinidad actual de los animales de la muestra, o podrían deberse al efecto Wahlund, que tiene lugar con la subdivisión de una población.

En un trabajo anterior nuestro (Rodero et al.¹) estimábamos el efecto de la deriva genética, teniendo en cuenta los tamaños efectivos de las poblaciones sobre las que se hacen los cálculos, con valores que oscilan entre 0'04 y 0'05, sobre los alcanzados por F. Como una aproximación, podría considerarse que el total de 0'17 de Kidd et al.³ sería descomponible en un componente correspondiente a la deriva, que supondría un valor de 0'05, y otro, equivalente a la consanguinidad actual, igual a 0'12.

Si tenemos en cuenta nuestro datos y los de García Martín² se podría estimar entre 0'12 y 0'13 el coeficiente de consanguinidad de las poblaciones del ganado de lidia, lo que coincide con el que dan Zarazaga et al.⁷, que cifran en 0'126.

Agradecimiento

Deseáramos expresar nuestro agradecimiento a los siguientes ganaderos que nos han proporcionado datos a partir de los cuales se ha elaborado el presente trabajo: D. Alvaro Domecq y Díez, D. Juan Pedro Domecq Solís; D. Fernando Domecq Solís, Marqués de Domecq; D. Salvador Domecq y Díez y D. Salvador Guardiola Fontani. Igualmente agradecemos la colabo-

nación de los alumnos Luis Miguel Barranco Martínez, Luis Manuel Gallardo Albandor; Antonio Jesús Luque Luque y Jesús Baro Duarte.

Tabla I. Estadísticos de los valores de los coeficientes de integridad para 7 generaciones en las ganaderías D y E.

GANADERIAS

D

E

	Línea paterna	Línea materna	Total	Línea paterna	Línea materna	Total
\bar{X}	0'2831	0'2776	0'5597	0'3061	0'2902	0'5962
S	0'90307	0'0240	0'0459	0'0200	0'0304	0'0405
C.V.	10'84 %	8'64%	8'20%	6'53%	10'48%	6'79%

Tabla II. Coeficientes de consanguinidad según el nº de generaciones que se tienen en cuenta.

GANADERIAS

Nº de generaciones	A	B	C	D	E	Total
4	0'026	0'026	0'012	0'006	0'013	0'021
5	0'046	0'032	0'046	0'009	0'030	0'046
6	0'062	0'041	0'081	0'009	0'037	0'065
7	0'068	0'044	0'090	0'020	0'057	0'070

Tabla III. Coeficientes de variación de F para cada ganadería y según se tengan en cuenta 5 ó 7 generaciones en el árbol genealógico.

Nº de generaciones	A	B	C	D	E
5	57 p.c.	118'18 p.c.	112'09 p.c.	133'79	81'27
7	39'59 p.c.	106'69 p.c.	57'08 p.c.	89'44	81'15

Tabla IV. Valores que toma F para diferentes intervalos de I_7 .

	F de D	F de E	F total (D + E)
0'49-0'51	0	0'0176	0'0029
0'51-0'53	0'00812	--	0'00812
0'53-0'55	0'0146	0'0313	0'0174
0'55-0'57	0'0127	0	0'00127
0'57-0'59	0'0390	0'0343	0'0351
0'59-0'61	--	0'0367	0'0367
0'61-0'63	0'0202	0'0885	0'0465
0'63-0'65	0'040	0'0667	0'0617
> 0'65	0'0528	--	0'0528

Tabla V. Tanto por ciento de individuos con F = 0 en las ganaderías D y E y para distintas generaciones.

GANADERIAS

Generaciones	D	E
4	81'82	68'42
5	45'45	26'32
6	52'94	23'80
7	11'11	13'13

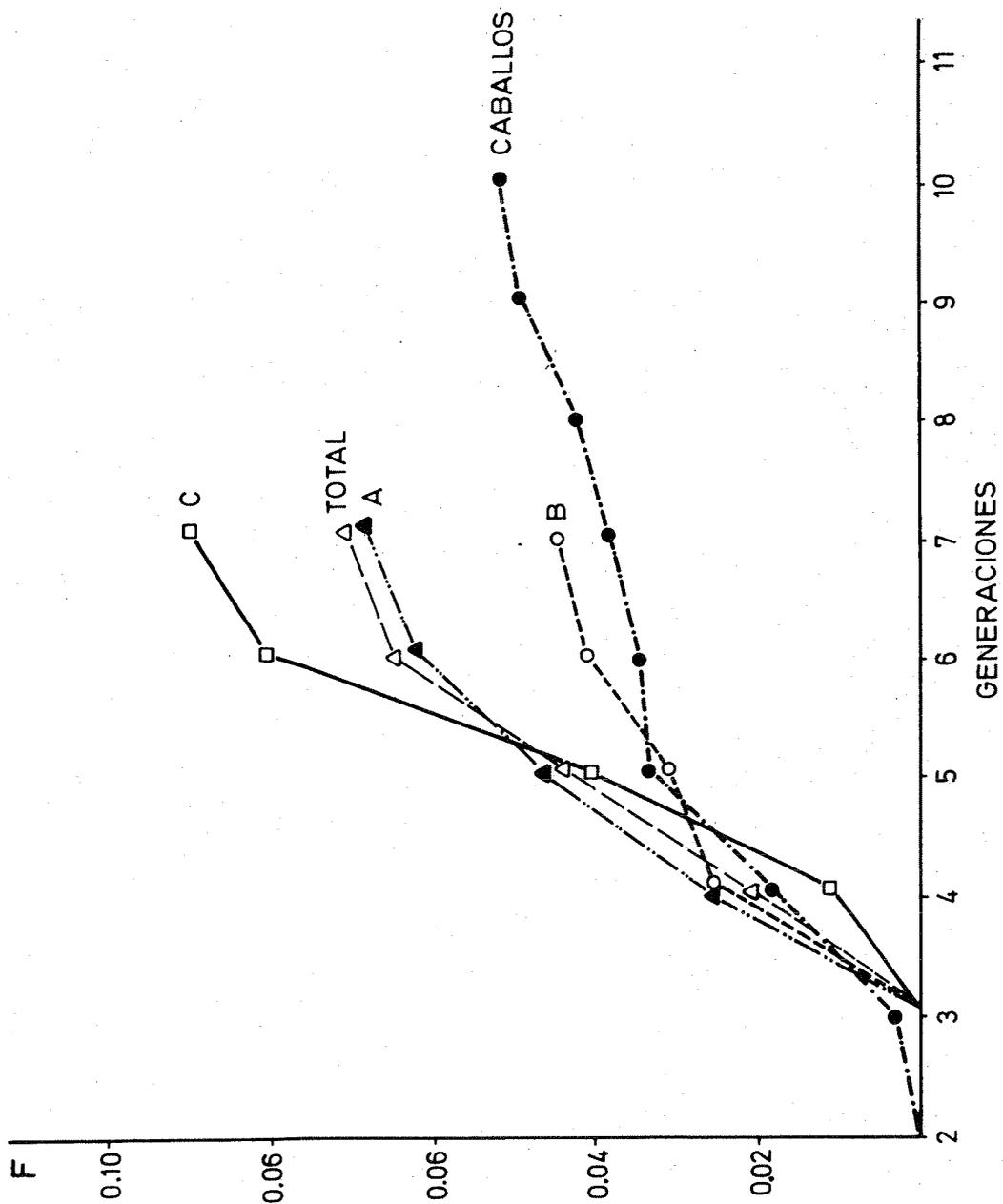


Fig. 1. Relación entre profundidad del árbol genealógico y los valores de F correspondientes.

Bibliografía

1. Rodero, A., J. García Martín y D. Jordano. Simple autosomic recessive inheritance of cataplexy in fighting bulls. Arch. Zooc. 32, 173-180 (1983).
2. García Martín, J. Tesis doctoral (en preparación). Universidad de Córdoba, s.d.
3. Kidd, K.K., W.H.Stone, C. Crimella, C. Carezni, M. Casati y G. Rognoni. Immunogenetic and population genetic analyses of Iberian cattle. Anim. Blood Groups Biochem. Genet. 11, 21-38 (1980).
4. MacCluer, J.W., A.J. Boyce, B. Dyke, L.R. Weitkamp, D.W. Pfenning y C.J. Parsons. Inbreeding and pedigree structure in standardbred horses. J. Hered. 74, 394-399 (1983).
5. Cothran, E.C., J.V. MacCluer, L.R. Weitkamp, D.W. Pfenning y A.J. Boyce. Inbreeding and reproductive performance in standardbred horses. J. Hered. 75, 220-224 (1984).
6. Boyce, A.J. Comportation of inbreeding and kinship coefficients on extended pedigrees. J. Herd. 74, 400-404 (1983).
7. Zarazaga, I. et al. Genetic structure of the several castas of bovine of Lidia breeds (initial results). Proc. 16th Int. Conf. Anim. Blood Groups Biochem. Genet. (Leningrado) Abstr. p. 43.(1978).