

ANÁLISIS GENEALÓGICO EN LA POBLACIÓN ABIERTA DE CABALLOS SILLA ARGENTINO PERTENECIENTES A LA POLICÍA NACIONAL DE COLOMBIA

Genealogical analyses in open population of Silla Argentino horses belonging to the national police of Colombia

Jeisson León Rubio¹, Ricardo da Silva Faria², John Infante Gonzalez¹, Yuly Rincón Lozano³, Pablo Dominguez-Castaño^{1,2*}

- ¹ Grupo de Investigación en Ciencias Animales, UNIAGRARIA, Facultad de Medicina Veterinaria, Fundación Universitaria Agraria de Colombia, Bogotá, Colombia.
- ² Departamento de Zootecnia, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista-UNESP, São Paulo, Brasil.
- ³ Escuela de Equitación Policial "Coronel Luis Augusto Tello Sánchez", Bogotá, Colombia.

* Corresponding author:
Pablo Dominguez-Castaño. E-mail:
pd.castano@unesp.br

Recibido: xx/xx/2021

Aceptado: xx/xx/2021

Publicado: 31/12/2021

ABSTRACT

This study aimed to evaluate population parameters, genetic diversity and identify the ancestors with the highest genetic contribution of an open population of Silla Argentino horses in Colombia using pedigree data. 508 horses born between 1998 and 2018 were evaluated, called reference population (RP). The ancestors of the RP were added, defining the total population (TP) with 1,861 horses born since 1905. Population parameters were estimated, including inbreeding coefficient (F), effective population size (Ne), effective number of founders (fe), ancestors (fa), and founder genomes (fg) and generation interval (GIN). The GIN was 10.1 (TP) and 7.7 (RP) years. The estimate of F for the RP was 0.3%, indicating control in matings. The Ne was 317 (RP) and 179 (TP). The probability of genes origin indicated values for fe, fa and fg of 386, 187 and 351 (TP), and 161, 64 and 56 (RP), respectively, evidencing a reduction of genetic variability in the RP. Half of the genetic variation in the equine population studied was explained by 40 ancestors. The results show loss of genetic diversity in the RP and the genetic contribution of the ancestors suggests the need to increase the number of stallions for breeding and guide mating to increase genetic diversity in the new generations of Silla Argentino horses of the Colombian National Police.

Keywords: ancestors, effective number of founders, equine, inbreeding, population parameters

RESUMEN

Este estudio tuvo como objetivo evaluar parámetros poblacionales, la diversidad genética e identificar los ancestros con mayor contribución genética de una población abierta de caballos de raza Silla Argentino en Colombia, utilizando información genealógica. Fueron evaluados 508 caballos nacidos entre 1998 y 2018, denominados población referencia (PR). Se agregaron los ancestros de la PR, definiendo la población total (PT) con 1.861 caballos nacidos desde el año 1905. Parámetros poblacionales fueron estimados, incluyendo: coeficiente de endogamia (F), tamaño efectivo de población (Ne), número efectivo de fundadores (fe), ancestros (fa) y genomas fundadores (fg) e intervalo generacional (ING). El ING fue de 10,1 (PT) y 7,7 (PR) años. El valor del parámetro F en la PR fue de 0,3%, indicando control en los apareamientos. El Ne fue 317 (PT) y 179 (PR). La probabilidad de origen de los genes indicó valores para fe, fa y fg de 386, 187 y 351 (PT), y 161, 64 y 56 (PR), respectivamente; evidenciando reducción de la variabilidad genética en la PR. La mitad de la variación genética de la población de equinos estudiada fue explicada por 40 ancestros. Los resultados evidencian pérdida de diversidad genética en la PR y la contribución genética de los ancestros sugiere la necesidad de aumentar el número de sementales para la cría y guiar los apareamientos buscando ampliar la diversidad genética en las nuevas generaciones de caballos Silla Argentino de la Policía Nacional de Colombia.

Palabras clave: ancestros, endogamia, equinos, número efectivo de fundadores, parámetros poblacionales.

INTRODUCCIÓN

La raza Silla Argentino se generó a partir de la raza Anglo Argentino, el cual se obtuvo a partir de un cruce de yeguas con tipo definido de "Silla" y caballos Pura Sangre de Carreras, sus aptitudes y características morfológicas son similares a las del Pura Sangre de Carreras, de temperamento enérgico, fuerte, resistente y veloz (Tissera et al., 2009). Se clasificó como raza para la Asociación Argentina de Fomento Equino (AAFE 2020) en 1941 y cambio su denominación como "Silla Argentino" en 1982. Por su temperamento, docilidad, fortaleza y capacidad de adaptación esta raza es ampliamente utilizada por instituciones de orden público, con el propósito de acompañar actividades de patrullaje, apoyo a eventos públicos y deporte ecuestre.

El análisis de la información genealógica es una herramienta importante para identificar la diversidad genética, evaluar la estructura de la población, los niveles de endogamia y los cambios que ocurren de generación en generación (Gutiérrez y Goyache, 2005). Los resultados del análisis del pedigrí permiten generar estrategias apropiadas para la selección de los individuos y dirigir los apareamientos. Según Duru (2017), utilizando análisis del pedigrí, es posible determinar el alcance de pérdida genética en poblaciones pequeñas, debido a la predicción de los coeficientes de endogamia, y estimación de parámetros relacionados con probabilidad de origen de los genes y deriva genética. Evaluar la diversidad genética en una población, conocer su estructura, flujo de genes, y el manejo apropiado de sus recursos genéticos para ampliar la base genética de los individuos seleccionados, son necesarios en los programas de selección, y la información genealógica puede ser utilizada para identificar estos problemas (Głazewska y Jezierski, 2004).

Se han realizado estudios con equinos de razas Cuarto de Milla (Faria et al., 2018a), Lusitano (Faria et al., 2018b) y caballo Brasileiro de Hipismo (Medeiros et al., 2014) en Brasil, Árabe en Turquía (Duru, 2017) y Pura Raza Español en España (Gómez et al., 2009), evaluando la diversidad genética a partir de la información genealógica; permitiendo identificar los ancestros con mayor contribución genética en cada raza, además de estimar los cambios en la diversidad genética y en los coeficientes de endogamia en las diferentes poblaciones de equinos a través del tiempo. Sin embargo, hasta el momento no se han reportado estudios en la literatura involucrando la raza de caballos Silla Argentino. Por esta razón, el objetivo de este estudio es evaluar los parámetros poblacionales, la diversidad genética e identificar las contribuciones de los ancestros más influyentes de la población abierta de equinos raza Silla Argentino pertenecientes a la Policía Nacional de Colombia, utilizando su información genealógica.

MATERIALES Y MÉTODOS

Descripción y análisis de los datos

Fue utilizada la información genealógica registrada por la Policía Nacional de Colombia (PNC). El pedigrí incluía la identificación del animal, padre y madre, sexo, año de nacimiento y origen. La base de datos de la PNC contenía información de 508 caballos (46,5% potros), nacidos entre los años 1998 y 2018, considerados como la población de referencia (PR). Se agregaron los ancestros de la PR buscando

en registros de la Asociación Argentina de Fomento Equino (AAFE 2020), definiendo la población total (PT) con 1.861 (40,7% potros) caballos nacidos desde el año 1905.

La preparación de los datos fue realizada con el paquete VISPEDIGREE del software R (R Core Team, 2020). Los parámetros poblacionales, probabilidad de origen de los genes y diversidad genética fueron obtenidos con el software ENDOG V4,8s (Gutiérrez y Goyache, 2005).

Integridad del pedigrí e intervalo generacional

La integridad de la información genealógica expresa la cantidad media de información generacional disponible de cualquier individuo del pedigrí, siendo estimada como la proporción de antepasados conocidos en cada generación ascendente. Los antepasados con padres desconocidos fueron considerados como fundadores según lo descrito por Gutiérrez y Goyache (2005). Además, el número de generaciones para determinado individuo se calculó con el número de generaciones equivalentes (t) calculado sobre la suma de todos los ancestros conocidos en base a $(1/2)^n$, donde n es el número de generaciones entre el animal y cada antepasado con un registro conocido, representando mejor la información del pedigrí (Maignel et al., 1996). El intervalo generacional (ING) fue obtenido en función de la edad media de los padres al nacer la progenie que se reprodujo (James, 1972).

Parámetros poblacionales relacionados al coeficiente de endogamia

El coeficiente de parentesco promedio (CP) de cada individuo, es definido como el porcentaje de representación genética de cada animal dentro del pedigrí (Gutiérrez y Goyache, 2005); el CP es la media de los coeficientes de coascendencia de cada animal con el resto de los animales que conforman la población (Goyache et al., 2003). La probabilidad que un individuo tenga dos alelos idénticos por descendencia es conocido como el coeficiente de endogamia (F), y fue calculado usando el algoritmo propuesto por Meuwissen y Luo (1992).

El tamaño efectivo de la población (N_e) es el número de individuos que contribuyeron de manera efectiva dejando descendientes, transmitiendo genes a la próxima generación, manteniendo la diversidad genética y promoviendo un aumento similar en la endogamia en la población estudiada (Gutiérrez y Goyache, 2005). El N_e se calculó siguiendo a Cervantes et al. (2009) aproximando el aumento de la endogamia (ΔF) como el coeficiente de regresión (b) del coeficiente de endogamia individual a lo largo de las generaciones equivalentes (t), y considerando el correspondiente coeficiente de regresión como el aumento de la endogamia entre dos generaciones, $(b = F_t - F_{t-1} \approx \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}})$ y consecuentemente $N_e = 1/(2b)$.

Probabilidad de origen de los genes y deriva genética

La diversidad genética de la población de caballos Silla Argentino de la PNC es demostrada por la estimación del número efectivo de fundadores, de ancestros y el número de ancestros que explican el 50% de la variación genética. La contribución genética esperada de cada fundador de la PR fue establecida como la probabilidad de que un gen tomado aleatoriamente dentro de la PR proceda de un fundador determinado. El número efectivo de fundadores (f_e) es definido como el número de individuos fundadores, que, contribuyendo en igual medida, generarían la diversidad genética observada

en la población estudiada (Lacy 1989). Este parámetro fue calculado utilizando la fórmula:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

donde f representa el número de fundadores y q_k es la contribución genética del fundador k a la población de referencia (Gutiérrez y Goyache, 2005).

El número efectivo de ancestros (f_a) representa el número mínimo de antepasados (fundadores o no) necesarios para explicar la diversidad genética total de la población (Boichard et al., 1997). Este parámetro fue calculado como:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^f p_j^2}$$

donde p_j es la contribución marginal del ancestro j . La contribución marginal es la contribución genética adicional realizada por un antepasado que no fue explicada por otro ancestro previamente elegido (Boichard et al., 1997).

El número efectivo de genomas fundadores (f_g) es definido como el número de reproductores (machos y hembras) que contribuyen en igual medida a la estructura de la población y producen una diversidad genética idéntica sin pérdida de alelos (Ballou y Lacy 1995). Este parámetro fue estimado usando la fórmula propuesta por Caballero y Toro (2000):

$$f_g = \frac{1}{2C}$$

donde C es el promedio de coascendencia entre los individuos de la población.

La deriva genética es el cambio aleatorio en las frecuencias genéticas en una población, que ocurre con mayor intensidad cuando la población experimenta una drástica reducción en su tamaño efectivo (Falconer y Mackay, 1996). Según Sørensen et al. (2005), una relación de $f_e/N_e > 0,5$ indica que han ocurrido cambios en la deriva genética de la población. Una forma de evaluar la deriva genética es observar los efectos del cuello de botella. La proporción entre el número efectivo

de ancestros y fundadores (f_a/f_e) permite identificar si existe cuello de botella genético por el uso de reproductores. Valores cercanos a 1 muestran que no se han producido cuellos de botella importantes en la población (Boichard et al., 1997). Finalmente, la relación de f_e/f_g permite determinar el efecto de la deriva genética en la población estudiada (Lacy, 1989).

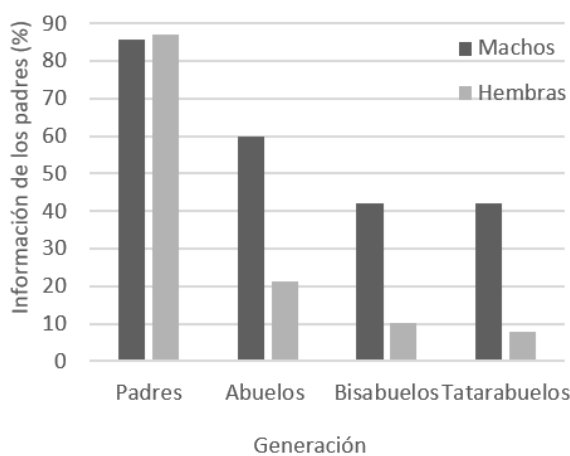
Contribuciones genéticas de los principales ancestros

Los principales ancestros (fundadores o no) que explicaron la diversidad genética total de las poblaciones y sus contribuciones genéticas marginales acumuladas fueron calculados según Boichard et al. (1997). Las informaciones de los siete ancestros con mayor relevancia en la PT y PR son presentadas, además de sus contribuciones genéticas marginales acumuladas.

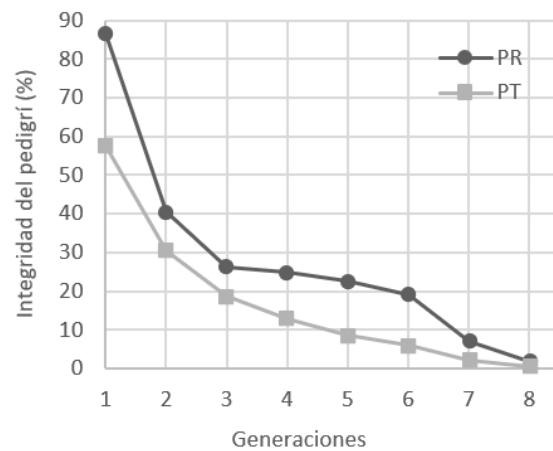
RESULTADOS

Integridad del pedigrí e intervalo generacional

La integridad del pedigrí no fue alta, la PR evidenció que 85,4% de los registros tenían ambos padres conocidos, 2,0% un progenitor conocido y los demás animales con padres desconocidos. Para todas las generaciones había más información en el pedigrí de los ancestros de los machos que de las hembras, sin embargo, en la última generación existía más información disponible de las hembras (Figura 1a). El número de información genealógicas aumentó a lo largo de las generaciones (Figuras 1a y 1b), con mayor número de registros de los ancestros de los machos que de las hembras. Esto es particularmente evidente en el registro de los abuelos paternos y maternos (38,6% menos registro de abuelos maternos). El valor medio de generaciones equivalentes (t) mostró que existe mayor cantidad de información de los ascendientes en la PR comparada a la PT (Tabla 1). Sin embargo, los valores para este parámetro en las poblaciones evaluadas reflejan falta de información en el pedigrí. Por otro lado, el ING de la PR fue menor al de la PT, evidenciando que los individuos seleccionados no permanecen durante muchos años como reproductores.



(a)



(b)

Figura 1. (a) Porcentajes de información genealógica disponible en cuatro generaciones de la población referencia (PR); (b) Integridad del pedigrí para la población total (PT) y PR considerando las últimas 8 generaciones.

Tabla 1. Estructura del pedigrí y parámetros relacionados al coeficiente de endogamia de la población total (PT) y población referencia (PR) de equinos raza Silla Argentino.

Parámetro	PT	PR
Animales y calidad del pedigree (número)		
Total	1861	508
Animales con ambos padres conocidos	1065	434
Animales con un padre conocido	13	10
t, promedio generación equivalente	1,4	2,3
ING, intervalo generacional	10,1±7,4	7,7±3,7
Parámetros relacionados a endogamia		
F, coeficiente de endogamia (%)	0,3	0,3
CP, Coeficiente de parentesco (%)	0,4	1,0
Animales con F ≠ 0		
Número de animales	71	25
F, coeficiente de endogamia (%)	6,8	5,6
CP, coeficiente de parentesco (%)	0,8	1,0
Ne, tamaño efectivo de la población (número)		
Ne por ΔFi	317	179
Ne por generaciones	126	72
Nf, número de fundadores	796	782

Parámetros poblacionales relacionados al coeficiente de endogamia

Se observó un apareamiento entre hermanos completos, 21 entre medios hermanos y 4 entre padres e hijos. El parámetro F para las dos poblaciones fue bajo y similar. Sin embargo, el CP encontrado en la PR fue mayor al de la PT. El valor medio de Ne fue estimado por generación y basado en ΔFi, evidenciando menores valores para la PR (Tabla 1).

Probabilidad de origen de los genes y deriva genética

Los resultados de este estudio muestran que 161 (fundadores) y 64 (ancestros) aportaron efectivamente genes a la PR, de los cuales, 40 ancestros explican la mitad de la variación genética (Tabla 2). Respecto a la proporción del número efectivo de ancestros y fundadores en la PT y PR fueron 2,06 y 2,51,

respectivamente; indicando posibles cuellos de botellas en las poblaciones (Tabla 2).

Tabla 2. Resumen de parámetros estimados para la probabilidad de origen de los genes y deriva genética y contribuciones genéticas de ancestros en la población total (PT) y población de referencia (PR).

Parámetro	PT	PR
Probabilidad de origen de los genes (número)		
fe, número efectivo de fundadores	386	161
fa, número efectivo de ancestros	187	64
fg, número efectivo de genomas fundadores	351	56
Deriva genética (número)		
fe / Ne	1,22	0,90
fe / fa	2,06	2,51
fg / fe	0,91	0,35
Ancestros (número)		
100% de la diversidad genética	630	329
50% de la diversidad genética	115	40
10% de la diversidad genética	4	2
Contribuciones genéticas marginales de los ancestros más influyentes (%)		
10 ancestros	18	34
50 ancestros	36	54
100 ancestros	47	69

Contribuciones genéticas de los principales ancestros

Las contribuciones genéticas marginales acumuladas de los ancestros más importantes, ósea, por encima de 2% de contribución marginal, muestran que para la PR siete machos, cinco de raza Silla Argentino, uno de raza Zangersheide y uno de raza Westfalen, contribuyeron con 13,7% y 28,6% de los genes presentes en la PT y PR, respectivamente (Tabla 3). El número total de progenies nacidas en la PR fue de 374 individuos, de los cuales, 73,5% (275 animales) son hijos de los siete principales ancestros.

Tabla 3. Principales ancestros de la población referencia (PR) y población total (PT) de caballos Silla Argentino, con información del nombre, sexo, año nacimiento (AN), raza, número de progenies (NP) y contribuciones genéticas marginales (CGM).

Animal	Sexo	AN	Raza	NP	CGM (%)			
					a*	PT	b*	PR
ROLLING STONE Z	M	2002	WES	51	2	2,5	2	5,1
MANCILLA BOCACIO	M	1999	SA	49	1	2,7	1	5,6
NOTTINGHAM**	M	2006	SA	47	3	2,3	3	4,8
BARAL NASSAU**	M	2007	SA	44	4	2,2	4	4,5
LIQUEÑO**	M	2006	SA	33	6	1,6	5	3,4
CACIQUE	M	2006	SA	31	7	1,5	6	3,2
CONTENDOR Z	M	-	ZAN	20	11	0,9	7	2,0

Razas, SA, Silla Argentino; WES, Westfalen; ZAN, Zangersheide; *a, orden de contribución genética marginal en la PT; *b, orden de contribución genética marginal en la PR; **, ejemplares importados por la PNC.

DISCUSIÓN

El análisis genealógico en poblaciones abiertas y de pedigrí incompletos tiene importantes deficiencias que dificultan la evaluación de la variabilidad genética de un rebaño (Cervantes et al., 2009). Autores como Pérez-Enciso (1995),

desarrollaron un método intentando resolver este problema basándose en la matriz de parentesco incierta, considerando una corrección probabilística para los ancestros desconocidos. El cual fue utilizado por Teegen et al. (2009) en el caballo de Trakehner, pero no se encontraron grandes diferencias cuando se aplicó esta metodología a genealogías con ancestros

perdidos. Por otro lado, VanRaden (1992) ha desarrollado enfoques para recuperar la endogamia causada por los pedigrís incompletos, que asume que los animales con padres desconocidos tienen coeficientes de endogamia iguales a el promedio de los coeficientes de endogamia de los animales con padres conocidos nacidos durante el mismo año. Sin embargo, según Lutaaya et al. (1999), este enfoque no funciona bien cuando la información faltante de los padres supera el 10-20%. Además, estos métodos han sido utilizados en escenarios de poblaciones con pedigrís cerrados con registro eficiente de genealogías. No obstante, Cervantes et al. (2009) evidenciaron que la búsqueda de ancestros en libros genealógicos de razas parentales permitió generar un pedigrí más profundo proporcionando resultados más precisos acerca de la estructura genética en una población abierta de pedigrí incompleto.

A partir de lo anterior, se buscó información de ancestros de la población abierta de equinos Silla Argentino de la PNC, aumentando la profundidad del pedigríe permitiendo identificar los ancestros más relevantes, conocer la diversidad genética y estimar el coeficiente de endogamia de los individuos; los resultados mostraron que 40 ancestros son responsables por la mitad de la variación genética de los equinos perteneciente a la PNC. El coeficiente de endogamia promedio fue bajo (0,3) indicando control en los apareamientos, sin embargo, parámetros relacionados a la probabilidad de origen de los genes, evidencian reducción de la diversidad genética en los animales de la PNC. A pesar de los esfuerzos por completar la información genealógica registrada por la PNC, el parámetro t , que está directamente relacionados con la integridad del pedigrí mostró que aún es necesaria más información de ancestrales para generar resultados más precisos, por lo que se debe tener cautela con los resultados encontrados.

En la representación porcentual de la información de los ancestros contenida en el pedigrí de la PR (Figura 1a), se observa una drástica reducción en el contenido de información de antepasados, siendo más evidente en las líneas a través de las hembras. La población perteneciente a la PNC es reciente (21 años solamente) e inicialmente no se daba la suficiente importancia al registro genealógico, principalmente de las hembras. Sin embargo, la cantidad de información registrada viene aumentado con el número de generaciones (Figura 1b). Siendo que en la última generación los registros en la PR pasaron de 40% a 86%, mostrando un progreso importante.

La mayoría de los estudios evaluando parámetros que caracterizan el origen genético y la estructura de la población en equinos son realizados en poblaciones cerradas con libros genealógicos profundos, lo que hace complicado comparar con los resultados de la raza Silla Argentino analizada. Además, este tipo de comparación se debe interpretar con precaución, ya que según Cervantes et al. (2009), los parámetros poblacionales dependen del tiempo desde la fundación del libro genealógico y la calidad de la información registrada. El valor encontrado en este estudio para el parámetro t (Tabla 1), sugieren que son necesarios mayores esfuerzos en el registro de datos genealógicos para mejorar la integridad de la información registrada por la PNC y aumentar la precisión de los parámetros poblacionales. Resultados similares han sido reportados en estudios con caballos de raza Pantaneiro (McManus et al., 2013) y Caballo Deportivo Brasileiro

(Medeiros et al., 2014) con estimativas para GE de 0,7 y 1,7 respectivamente; donde los autores justifican que el bajo valor para este parámetro se debe a la falta de información genealógica registrada en los primeros años de las asociaciones de criadores de cada raza. En contraste, valores superiores (GE > 5,0) estudiando el libro genealógico de la raza fueron reportados por Faria et al. (2018a; 2018b) en las razas Cuarto de Milla y Lusitano en Brasil y Duru (2017) en el caballo Árabe en Turquía; involucrando una gran cantidad de individuos e información robusta sobre su genealogía.

Los bajos ING en la PR (Tabla 1) pueden atribuirse al uso de monta natural, lo que implica menor tiempo de uso de reproductores, comparado a la inseminación artificial, donde un reproductor puede generar progenie aún después de haber fallecido, aumentando así el ING. Estimativas superiores para ING fueron observados por (Duru 2017; Faria et al., 2018a; Medeiros et al., 2014) con valores iguales a 12,2, 10,8 y 11,5, respectivamente. El ING está directamente relacionado con la ganancia genética, cuanto menor ING mayor será el progreso genético. De esta forma, la estimativa baja para ING en la población de equinos de la PNC permitiría mayores tasas de mejora genética en la población.

El estudio de la endogamia en la producción pecuaria es importante debido a que está asociado con la depresión en el desempeño productivo y reproductivo de los animales (Falconer y Mackay, 1996). El valor para el parámetro F en la PR muestra control en los apareamientos por parte de la PNC. En la PR el 4,9% de la población fue endogámica, con niveles máximos de 25%, debido al apareamiento entre padre e hija. A pesar de los bajos valores para F y CP , existen individuos endogámicos en las dos poblaciones (Tabla 1), por lo que es importante continuar dirigiendo los apareamientos con el fin de evitar el aumento de F . Valores superiores para el parámetro F han sido reportados en estudios con equinos de razas Pura Raza Española, Árabe y Lusitano por Domínguez-Viveros et al. (2012), Duru (2017), Faria et al. (2018b), respectivamente; altos valores para F pueden generarse debido al uso indiscriminado de un mismo reproductor o un número pequeño de reproductores.

El Ne es uno de los indicadores más utilizados en genética de poblaciones para evaluar la diversidad genética con fines de conservación (Duru, 2017). Según la FAO (1992), valores para Ne por debajo de 50 indican que la población está en nivel crítico, o en riesgo de extinción. En este estudio los valores de Ne (Tabla 1) para la PT y PR fueron superiores al nivel crítico, indicando que existe suficiente diversidad genética. Según Faria et al. (2018a) estudios que describen altos valores de Ne , sugieren una endogamia reducida debido a la relación directa entre Ne y F . A pesar del valor obtenido en este estudio estar fuera del nivel crítico, la disminución del Ne observada en la PR sugiere la posible pérdida de diversidad genética. Por lo tanto, buscando la variabilidad genética en el futuro, se debe aumentar el número de sementales para la cría y estimar el CP y F de los potros que son registrados en el pedigrí de la PNC; y de esta forma, planificar los apareamientos en función de estas estimativas con el fin de controlar la tasa de aumento de endogamia en las nuevas generaciones.

Al comparar las estimativas de f_e , f_a y f_g entre las poblaciones estudiadas (PT y PR), se evidencia pérdida de alelos fundadores. Valores más bajos para para estos parámetros en

la PR, indican uso preferencial de determinados ancestros (fundadores o no), favoreciendo la disminución de la variabilidad genética en la población perteneciente a la PNC. De acuerdo con Boichard et al. (1997) estos parámetros son menos sensibles al tamaño del pedigrí. Resultados similares fueron encontrados en caballos Cuarto de Milla (Faria et al., 2018a), Lusitano (Faria et al., 2018b) y Caballo Deportivo Brasileiro (Medeiros et al., 2014), comparando dos poblaciones para cada raza. Otra evidencia de la pérdida de alelos fundadores se reveló a través de los parámetros relacionados con la deriva genética (Tabla 2). La relación entre (f_e/f_a) fue superior a 1 para las dos poblaciones y de acuerdo con Sørensen et al. (2005), si el f_e es mayor al f_a , es muy probable que se hayan presentado cuellos de botella en la formación de la población. Se encontró en la literatura, una proporción mucho más alta (7,18) para la raza Cuarto de Milla en Brasil, donde la pérdida de la diversidad genética fue atribuida al uso desigual de animales reproductores (Faria et al., 2018a).

En cuanto a la identificación de los ancestros más representativos en las dos poblaciones analizadas, cinco de los siete, son ejemplares importados de la Argentina por la PNC, cuatro de raza Silla Argentino y uno de raza Zangersheide, mostrando la fijación de sus alelos en la PR. El 73,5 % de las progenies nacidas en la PR provienen de los siete principales ancestros (Tabla 3), evidenciando la preferencia por estos ejemplares por parte de la PNC; lo que pudo haber contribuido con la pérdida de diversidad genética encontrada en la población.

Por lo tanto, el aumento de las contribuciones genéticas debe ser monitoreado por la PNC, con el fin de guiar los apareamientos buscando obtener valores equilibrados sin afectar la diversidad genética de los caballos Silla Argentino. Los resultados resaltan la importancia de monitorear la estructura poblacional con el fin de guiar los apareamientos utilizando ancestros de diferentes linajes, buscando aumentar la diversidad genética y evitar el aumento de la endogamia. Desde una perspectiva reproductiva, el presente estudio muestra la necesidad de realizar un registro riguroso de las genealogías completas de los individuos de las razas parentales utilizadas para la reproducción en una población abierta para evitar pérdida no observada de variabilidad genética.

CONCLUSIONES

Los parámetros genéticos de la información genealógica de la población abierta de caballos Silla Argentino de la Policía Nacional de Colombia, mostraron que la diversidad genética de la población ha disminuido, sin embargo, la pérdida de alelos fundadores no generó niveles elevados de endogamia. Por otro lado, se identificaron los siete ancestros con mayores contribuciones genéticas en la población evidenciando que el 73,5 % de las progenies nacidas en la PR provienen de estos ancestros; lo que pudo haber contribuido con la pérdida de diversidad genética encontrada.

El intervalo de generaciones evidenciando expectativas en la ganancia genética anual debido a su bajo valor. No obstante, la calidad de informaciones (ancestros) del pedigrí debe ser mejorada para aumentar la confianza de los resultados obtenidos.

CONFLICTO DE INTERESES

No hay conflicto de intereses

CONTRIBUCIÓN DE AUTORES

Concepción y diseño del estudio (YARL, JNIG, PDC), adquisición de datos y administración de proyecto (JNIG, YARL), análisis e interpretación de datos (JALR, RASF, PDC), redacción del artículo (JALR, PDC, RASF), aprobación definitiva de la versión a presentar (JNIG, YARL).

REFERENCES

- AAFE. 2020. Asociación Argentina de Fomento Equino (AAFE), Argentina. Disponible en <https://www.fomentoequino.net/>. (Consulta 15 de marzo).
- Ballou JD, Lacy RC. Identifying Genetically Important Individuals for Management of Genetic Diversity in Captive Populations. . In: Ballou JD, Gilpin M, Foose TJ, Editors. *Popul. Manag. Surviv. Recover. Anal. Methods Strateg. Small Popul. Conserv.* New York: Columbia University Press. 1995; 76–111.
- Boichard D, Maignel L, Verrier E. The Value of Using Probabilities of Gene Origin to Measure Genetic Variability in a Population. *Genetics Selection Evolution*; 1997; 29:5–23. [http://dx. doi.org/10.1186/1297-9686-29-1-5](http://dx.doi.org/10.1186/1297-9686-29-1-5).
- Caballero A, Toro MA. Interrelations between Effective Population Size and Other Pedigree Tools for the Management of Conserved Populations. *Genetical Research*. 2000; 75(3):331–43.
- Cervantes I, Gutiérrez JP, Molina A, Goyache F, Valera M. Genealogical analyses in open populations: the case of three Arab-derived Spanish horse breeds. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2009; 126(5):335–47.
- Domínguez-Viveros J, Rodríguez-Almeida F. A, Ortega-Gutiérrez J. Á, Santellano-Estrada E. Analysis of Genealogical Information and Estimation of Populations Parameters in Fighting Cattle and Spanish Purebred Horses of Mexico. *Revista Científica*. 2012; 22(5):443–50. <https://www.redalyc.org/pdf/959/95923384008.pdf>.
- Duru, S. Pedigree Analysis of the Turkish Arab Horse Population: Structure, Inbreeding and Genetic Variability. *Animal*. 2017; 11(9):1449–56. <https://doi.org/10.1017/S175173111700009X>.
- Falconer D, Mackay T. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th Ed 1996. 4th ed. 1996.
- FAO. *The Management of Global Animal Genetic Resource*. The Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), Rome. 1992.
- Faria RAS, Maiorano AM, Bernardes PA, Pereira GL, Silva MGB, Curi RA, Silva JAIV. Assessment of Pedigree Information in the Quarter Horse: Population, Breeding and Genetic Diversity. *Livestock Science*. 2018a; 214(1780):135–41. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.06.001>.
- Faria RAS, Vicente APA, dos Santos RIDG, Maiorano AM, Curi RA, Chardulo LAL, Silva JAIV. Genetic Diversity of Lusitano Horse in Brazil Using Pedigree Information. *Journal*

- of Equine Veterinary Science. 2018b; 69:149–58. <https://doi.org/10.1016/j.jevs.2018.07.009>.
- Głazewska I, Tadeusz J. Pedigree Analysis of Polish Arabian Horses Based on Founder Contributions. *Livestock Production Science*. 2004; 90(2–3):293–98. <https://doi.org/10.1016/j.livprodsci.2004.08.002>.
 - Gómez MD, Valera M, Molina A, Gutiérrez JP, Goyache F. Assessment of Inbreeding Depression for Body Measurements in Spanish Purebred (Andalusian) Horses. *Livestock Science*. 2009; 122(2–3):149–55. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2008.08.007>.
 - Goyache F, Gutierrez JP, Fernandez I, Gomez E, Alvarez I, Diez J, Royo LJ. Using Pedigree Information to Monitor Genetic Variability of Endangered Populations: The Xalda Sheep Breed of Asturias as an Example. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2003; 120(2):95–105. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0388.2003.00378.x>.
 - Gutiérrez JP, Goyache F. A Note on ENDOG: A Computer Program for Analysing Pedigree Information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 2005; 122(3):172–76. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x>.
 - James JW. Computation of Genetic Contributions from Pedigrees. *Theoretical and Applied Genetics*. 1972; 42(6):272–73. <https://doi.org/10.1007/BF00277555>.
 - Lacy, Robert C. 1989. Analysis of Founder Representation in Pedigrees: Founder Equivalents and Founder Genome Equivalents. *Zoo Biology* 8(2):111–23. <https://doi.org/10.1002/zoo.1430080203>.
 - Lutaaya BE, Misztal I, Bertrand JK, Mabry JW. Inbreeding in populations with incomplete pedigrees. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 1999; 116, 475–480.
 - Maignel L, Boichard D, Verrier E. Genetic Variability of French Dairy Breeds Estimated from Pedigree Information. *Interbull Bulletin*. 1996; (14):49.
 - McManus C, Santos SA, Dallago BSL, Paiva SR, Martins RFS, Neto JB, Marques PR, Abreu UGP. Evaluation of Conservation Program for the Pantaneiro Horse in Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 2013; 42(6):404–13. <https://doi.org/10.1590/S1516-35982013000600004>.
 - Medeiros BR, Bertoli CD, Garbade P, McManus CM. Brazilian Sport Horse: Pedigree Analysis of the Brasileiro de Hipismo Breed. *Italian Journal of Animal Science*. 2014; 13(3):3146. <https://doi.org/10.4081/ijas.2014.3146>.
 - Meuwissen T, Luo Z. “Computing Inbreeding Coefficients in Large Populations.” *Genetics Selection Evolution*. 1992; 24:305–13.
 - Pérez-Enciso M. Use of the uncertain relationship matrix to compute effective population size. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 1995; 112, 327–332.
 - R Core Team. R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing. 2020. <https://www.r-project.org/>.
 - Sørensen AC, Sørensen MK, Berg P. Inbreeding in Danish Dairy Cattle Breeds. *Journal of Dairy Science*. 2005; 88(5):1865–72. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(05\)72861-7](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(05)72861-7).
 - Teegen R, Edel C, Thaller G. Population structure of the Trakehner Horse breed. *Animal*. 2009; 3, 6–15.
 - Tissera J, Losinno L, Aguilar J, Ludeña R. Razas equinas. Facultad de Agronomía y Veterinaria. 2009; Universidad Nacional de Rio Cuarto.
 - VanRaden PM. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. *Journal of Dairy Science*. 1992; 75, 3136–3144.