

CONSANGUINIDAD Y ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS PARA MORFOLOGÍA DEL CABALLO LUSITANO EN MÉXICO

INBREEDING AND ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS FOR MORPHOLOGY CHARACTERS IN THE LUSITANO HORSE BREED OF MEXICO

Domínguez-Viveros, J.*; Rodríguez-Almeida, F.A. y Ortega-Gutiérrez, J.Á.

Facultad de Zootecnia y Ecología. Universidad Autónoma de Chihuahua. Chihuahua, Chih. México.
*joeldguezviveros@yahoo.com.mx; jodominguez@uach.mx

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Correlación genética. Depresión endogámica. Heredabilidad. Raza autóctona portuguesa. Varianza genética.

ADDITIONAL KEYWORDS

Genetic correlation. Genetic variance. Heritability. Inbreeding depression. Portuguese autochthonous breed.

RESUMEN

Los Criadores del Caballo Lusitano en México plantearon el desarrollo de evaluaciones genéticas para las variables de morfología (VM: cabeza-cuello (CC), cruz (CR), pecho (PC), dorso (DR) y grupa (GR)) consideradas en los criterios de selección; empero, en estudios previos detectaron altos niveles de consanguinidad (F ; 6,6 % promedio), con un comportamiento constante. Los objetivos fueron analizar los efectos de F a través de tres indicadores (IDF: F del individuo (IF); coeficiente de relación promedio (CRP); y, tasa de cambio de F (ΔF)), sobre el rendimiento promedio, la estimación de heredabilidades (h^2) y correlaciones genéticas (r_g) para las VM. Incluyendo alternadamente los IDF como covariable de primer orden se realizaron cuatro análisis univariados (UNV) para cada VM, y cuatro análisis multivariados (MUV) con las cinco VM. Las soluciones de las covariables de IDF fueron estadísticamente igual a cero ($p > 0,05$). Las h^2 dentro UNV fluctuaron de 0,08 (DR) a 0,30 (CC), con un promedio general de 0,18; los máximos cambios al incluir IDF fueron 0,01. En los MUV, las h^2 fluctuaron de 0,11 a 0,35, con un promedio general de 0,198; con las r_g , sin incluir IDF el promedio fue de 0,53 en un intervalo de 0,01 a 0,97; y donde si se incluyó IDF el promedio fue 0,59, con estimaciones superiores a 0,20. Las h^2 de UNV vs MUV sin incluir IDF fueron similares. Para PC y GR las h^2 disminuyeron en 0,03 de UNV a MUV incluyendo IDF; a diferencia de CC, CR y DR con incrementos de 0,06. Dentro de MUV,

para CC, CR y DR las h^2 se incrementaron al incluir IDF, con mayor efecto CRP; sin embargo, en PC y GR disminuyeron con mayor efecto de F .

SUMMARY

The Lusitano horse breeders association in Mexico proposed the development of genetic evaluation for morphological traits (VM: head-neck (CC), withers (CR), chest (PC), back and loin (DR) and croup (GR)) considered in the selection criteria; however, in earlier studies found high levels of inbreeding (F ; 6,6 % average), with constant trend. The objectives were to analyze the effects of F through three indicators (IDF: F of animal (IF); average correlation coefficient (CRP); and, change rate of F (ΔF)) on the average performance, the estimate of heritability (h^2) and genetic correlation (r_g) for the VM. Including alternately the IDF as covariate of first order were performed four univariate analysis (UNV) for each VM, and four multivariate analyses with the five VM. The covariate solutions of IDF were equal to zero ($p > 0,05$). The h^2 with the UNV ranged from 0,08 (DR) to 0,30 (CC), the general average was 0,18. The maximum change with IDF was 0,01. In the MUV, the h^2 ranged from 0,11 to 0,35, the general average was 0,198; in the r_g , the average without IDF was 0,53, in the interval of 0,01 to 0,97; with IDF the average was 0,59, with estimates above 0,20. The h^2 of UNV vs. MUV without IDF

were similar. For PC and GR the h^2 decreased 0,03 of UNV to MUV with IDF; to contrast of CC, CR y DR with increments of 0,06. Inside MUV, for CC, CR and DR the h^2 increased with IDF, with more effect CRP; however, in PC and GR decreased, with more effect of F.

INTRODUCCIÓN

El caballo Pura Sangre Lusitano (PSL) es originario de Portugal; la información genealógica contenida en el libro genealógico de la Asociación Portuguesa de Criadores de Caballos PSL (APSL) data desde 1824 (Vicente *et al.*, 2009). En México, la Asociación Mexicana de Criadores del Caballo Lusitano (AMCCL) se constituyó en 1993, con el reconocimiento oficial de la Secretaría de Agricultura y Ganadería (SAGARPA, 2009). La AMCCL es la responsable del libro genealógico del PSL en México, con los objetivos de preservar la pureza racial e implementar programas de mejora genética. El registro en el libro genealógico mexicano contempla la información genealógica con sus pruebas de paternidad, la certificación de la pureza racial en apego al patrón racial, y las valoraciones de caracteres de morfología, realizadas por jueces especializados y certificados por la APSL. Las valoraciones de caracteres de morfología (VM) son parte de los criterios de selección y contemplan cinco variables: cabeza-cuello (CC), cruz (CR), pecho (PC), dorso (DR) y grupa (GR), que en su conjunto definen el modelo morfológico, la funcionalidad y el comportamiento del caballo PSL en los diferentes escenarios en que se desenvuelve (Vergara, 2012).

La AMCCL, en colaboración con el Consejo Nacional de los Recursos Genéticos Pecuarios (CONARGEN), ha implementado planes y acciones para la mejora genética de la raza. Domínguez-Viveros *et al.* (2012) analizaron la estructura del pedigrí, así como los niveles y tendencias de la consanguinidad a través del tiempo; a partir de los resultados obtenidos, reportaron que el 20,8 % de la población fue consanguínea, con un

coeficiente de consanguinidad promedio de 6,6 % y un máximo de 31 %, con tendencia a mantenerse constante, pero con un incremento en la proporción de individuos consanguíneos. La AMCCL y el CONARGEN plantearon la necesidad de desarrollar evaluaciones genéticas en aquellas características de interés en los criterios de selección del Caballo PSL. Varios autores (Tavernier, 1990; Molina *et al.*, 1999; Sobczyńska, 2010) han resaltado la importancia de identificar los criterios de selección en equinos para su inclusión en las evaluaciones genéticas, resaltando las ventajas de los modelos multivariados (Langlois y Vrijenhoek, 2004).

Generalmente, la consanguinidad por arriba de cierto umbral se asocia con efectos negativos e indeseables, ya que en algunas especies o razas se ha observado una disminución en el rendimiento medio de algunos caracteres (Falconer y Mackay, 1996). En las evaluaciones genéticas puede afectar de diversas formas (Casanova *et al.*, 1992; Ruiz-Flores *et al.*, 2011): a) influye directamente en los supuestos del modelo genético, ya que cuando se ignora en la construcción de la inversa de la matriz de relaciones aditivas, la varianza de los valores genéticos de los animales consanguíneos se sobrestima por la covarianza entre los valores genéticos de los padres, y se reduce la varianza de muestreo mendeliano entre la progenie de animales consanguíneos; b) deprime el desempeño fenotípico de los animales y con ello probablemente los resultados de la evaluación; y, c) también puede influir en la estimación de la varianza del error de predicción. Para evaluar los efectos de la consanguinidad, tradicionalmente se ha analizado la posible depresión endogámica en función de los niveles de consanguinidad de cada individuo (F; Fioretti *et al.*, 2002; Van Eldik *et al.*, 2006); sin embargo, algunos autores han propuesto evaluar los efectos de la consanguinidad en función de indicadores como el coeficiente de relación promedio (CRP; Gutiérrez *et al.*, 2003) y la tasa de cambio de F (ΔF ;

EFFECTOS DE CONSANGUINIDAD EN EL CABALLO LUSITANO DE MÉXICO

Gómez *et al.*, 2009). Por ello, los objetivos de este estudio fueron analizar la relación de diferentes indicadores de la consanguinidad con el desempeño en los diferentes VM evaluados en el caballo PSL en México, así como el efecto de su inclusión, en los modelos ajustados en las evaluaciones genéticas para la estimación de parámetros genéticos. Éste es el primer estudio relacionado a la implementación de evaluaciones genéticas en caballo Lusitano en México. La definición y ajuste de los modelos más adecuados permitirá a los criadores contar con herramientas más objetivas y precisas para la selección de sus futuros reproductores.

MATERIALES Y MÉTODOS

La AMCCCL realiza cada año el concurso de modelo y andamios; a través de diversas prácticas y movimientos (paso, trote y galope) evalúan y juzgan el desenvolvimiento de los caballos. Un juez calificado y certificado por la APSL valora y califica las cinco VM, a las cuales asigna una calificación específica con valores que van de 0 a 10 puntos. Las VM en su conjunto definen la morfología y la funcionalidad de los ejemplares. Dentro de los movimientos del caballo, el juez considera alrededor de diez parámetros de referencia: amplitud, velocidad, cadencia, suspensión, armonía, elevación, fluidez, ligereza, coordinación, y el equilibrio lateral y longitudinal; a través de estos parámetros se establecen los rasgos que dibujan la personalidad morfológica y funcional de un Puro Sangre Lusitano. La AMCCCL proporcionó la información genealógica y de comportamiento utilizada. Toda la información analizada procede de caballos Lusitanos de México. En total se analizaron 506 observaciones de cada VM y el archivo de pedigrí incluyó 4475 individuos; en la **tabla I** se presentan los estadísticos descriptivos de las variables analizadas.

Para la estimación de parámetros genéticos, inicialmente se realizaron análisis

univariados (UNV) para cada variable, y posteriormente se realizó un análisis multivariado (MUV) para las cinco variables. Se utilizó un modelo mixto que incluyó los efectos fijos de año de nacimiento (de 1995 a 2007), grupo de valoración, sexo y ganadería de origen (19 en total) como clases, más la covariable lineal de edad del individuo a la valoración. Como efectos aleatorios se incluyeron los efectos genéticos aditivos directos y el error. La estructura del modelo utilizado fue:

$$y = Xb + Zu + e$$

donde:

y es el vector de registros para cada VM;

b es el vector de efectos fijos;

u es el vector de valores aleatorios genéticos aditivos directos;

e es el vector de residuales. X y Z son matrices de incidencia que relacionan el vector de registros de comportamiento con los respectivos efectos considerados.

Las suposiciones del modelo fueron:

$$E[y] = Xb, E[a] = 0 \text{ y } E[e] = 0$$

La matriz de parentesco (A) fue con-

Tabla I. Estadísticos descriptivos de las variables morfológicas analizadas[§]. (Descriptive statistics of the analyzed morphological traits).

Variable	N	media $\pm\sigma$	mínimo	máximo
Cabeza y cuello	506	7,23 \pm 0,69	6,0	9,0
Cruz	506	7,34 \pm 0,63	5,0	8,0
Pecho	506	7,22 \pm 0,68	5,0	9,0
Dorso y riñón	506	10,04 \pm 1,08	6,0	12,0
Grupa	506	7,22 \pm 0,62	4,0	8,0

n= número de observaciones; σ = desviación estándar. [§]Las unidades de medidas corresponden a los puntos de valoración definidos por la Asociación Mexicana de Criadores de Caballos Lusitanos (SAGARPA, 2009) y en el reglamento de valoración del caballo Lusitano en México.

formada por los individuos del pedigrí. La estructura de varianzas y covarianzas fue definida bajo el siguiente planteamiento: $A\sigma^2_{ai}$ son las varianzas de efectos genéticos aditivos directos para la variable i ; σ^2_{ei} son las varianzas de los efectos residuales de la variable i ; $A\sigma a_{ij}$ son las covarianzas entre efectos genéticos aditivos directos de la variable i con la variable j ; y, σe_{ij} son las covarianzas entre efectos residuales de la variable i con la variable j . Con base en el arreglo del análisis multivariado, en total se estimaron 15 parámetros genéticos: cinco heredabilidades (h^2) y diez correlaciones genéticas (r_g). En análisis previos se evaluó el incluir los efectos maternos a los modelos utilizados; sin embargo, con la prueba de razón de verosimilitudes se confirmó que los efectos maternos no mejoró el ajuste de los modelos.

Para evaluar los efectos de los indicadores de consanguinidad (IDF), se realizaron tres análisis MUV incluyendo alternadamente la F , el CRP y la ΔF , como covariable de primer orden. En total se realizaron cuatro MUV; así como cuatro análisis UNV por cada variable analizada. Los coeficientes de regresión lineal, producto de las covariables analizadas como IDF se obtuvieron con los MUV. Los análisis se realizaron con el programa MTDFREML (Boldman *et al.*, 1995). El CRP de cada individuo se define como el porcentaje de representación genética de cada animal en el conjunto de la población, y es el promedio de los coeficientes en el renglón correspondiente de la matriz A ; su importancia como indicador de la consanguinidad está en función de que considera todas las relaciones genéticas aditivas de un individuo con el resto del pedigrí (Gutiérrez *et al.*, 2003), dado que la F se presenta en un animal cuando sus progenitores están relacionados genéticamente a través de uno o más ancestros. Por otro lado, la ΔF es un indicador de la F , ajustado por la cantidad de información genealógica presente en el pe-

digrí; el cálculo de la ΔF para cada individuo fue:

$$DF = 1 - (1 - F)^{1/n}$$

donde:

F es la consanguinidad del individuo;

n es el número de generaciones completas del individuo en el pedigrí (González-Recio *et al.*, 2007; Gutiérrez *et al.*, 2008).

La importancia de la ΔF como indicador de F radica en que dos individuos pueden tener el mismo nivel de F , pero derivan de diferente número de generaciones y pueden expresar diferente depresión endogámica. Para el cálculo del CRP y la ΔF de cada individuo se utilizó el software ENDOG (Gutiérrez y Goyache 2005). De los 506 individuos con información de VM, el 59 % presentó valores de F y ΔF diferentes de cero, con promedios de 5,9 y 2,04 %, e intervalos de 0,10 a 28,1 % y de 0,02 a 12,04 %, respectivamente. Con respecto al CRP, los valores oscilaron de 0,62 a 5,86 y el promedio fue de 2,01.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la **tabla II** se presentan los resultados de la estimación de parámetros genéticos y soluciones de las covariables utilizadas para evaluar los efectos de consanguinidad. Todas las soluciones de las covariables no fueron estadísticamente diferentes de cero ($p > 0,05$); estos resultados coinciden a los reportados por Gómez *et al.* (2009), al analizar los efectos de las covariables F y ΔF en modelos multivariados con caracteres de morfología en el caballo de pura raza española, dado que reportaron estimaciones estadísticamente igual a cero ($p > 0,05$) en los coeficientes de regresión lineal. Efectos de la consanguinidad sobre el comportamiento promedio de diversas variables de interés en equinos fueron discutidos por Thiruvankadan *et al.* (2009). Las estimacio-

EFFECTOS DE CONSANGUINIDAD EN EL CABALLO LUSITANO DE MÉXICO

nes de h^2 dentro de UNV (**tabla II**) fluctuaron de 0,08 (en DR) a 0,30 (en CC), con un promedio general de 0,18; los cambios máximos observados en los análisis en que se incluyeron los IDF fueron de 0,01. Las estimaciones de h^2 en los UNV y los MUV sin incluir algún IDF fueron similares; sin embargo, si se observaron cambios en las estimaciones h^2 al pasar de UNV a MUV considerando algún IDF. Para las variables PC

y GR, las estimaciones de h^2 disminuyeron en 0,03 unidades de los UNV a los MUV, a diferencia de las variables CC, CR y DR, que presentaron incrementos hasta de 0,06 unidades en las estimaciones de h^2 en los MUV vs UNV (**tabla II**).

Dentro de los MUV, las estimaciones de h^2 oscilaron de 0,11 a 0,35, con un promedio general de 0,198 (**tabla II**); las estimaciones de h^2 y r_g fueron diferentes a través de

Tabla II. Resultados de la estimación de parámetros genéticos y de las covariables analizadas como indicadores de consanguinidad. (Results of the estimation of genetic parameters and of the analyzed covariables as indicators of inbreeding).

	Análisis univariados ^b		Análisis multivariados ^f				Solución de covariables [†]
	CC	CR	PC	DR	GR		
Análisis sin incluir algún indicador de la consanguinidad							
CC	0,30	0,31					---
CR	0,13	0,01	0,14				---
PC	0,24	0,25	0,83	0,24			---
DR	0,08	0,47	0,52	0,58	0,11		---
GR	0,16	0,11	0,88	0,97	0,68	0,16	---
Análisis incluyendo la consanguinidad del individuo							
CC	0,29	0,33					0,005 ± 0,006 ns
CR	0,13	0,21	0,19				0,007 ± 0,006 ns
PC	0,23	0,36	0,80	0,20			0,000 ± 0,006 ns
DR	0,09	0,56	0,62	0,52	0,13		0,011 ± 0,011 ns
GR	0,15	0,25	0,89	0,94	0,68	0,13	0,003 ± 0,006 ns
Análisis incluyendo el coeficiente de relación promedio							
CC	0,30	0,37					0,041 ± 0,081 ns
CR	0,14	0,31	0,16				-0,019 ± 0,044 ns
PC	0,24	0,24	0,91	0,21			0,039 ± 0,050 ns
DR	0,09	0,55	0,66	0,52	0,15		0,031 ± 0,080 ns
GR	0,12	0,16	0,95	0,96	0,65	0,13	0,058 ± 0,044 ns
Análisis incluyendo la tasa de cambio de la consanguinidad							
CC	0,29	0,35					1,262 ± 1,55 ns
CR	0,13	0,31	0,18				1,178 ± 1,37 ns
PC	0,24	0,36	0,80	0,21			-0,289 ± 1,46 ns
DR	0,09	0,58	0,68	0,52	0,14		1,691 ± 2,51 ns
GR	0,15	0,27	0,89	0,96	0,67	0,13	0,858 ± 1,41 ns

CC= cabeza-cuello; CR= cruz; PC= pecho; DR= dorso; GR= grupa. ^bHeredabilidades resultado de los análisis univariados. ^fSobre la diagonal se presentan las heredabilidades y bajo la diagonal se presentan las correlaciones genéticas. [†]valor de la pendiente ± error estándar; ns= no significativa (p>0,05).

características y, a su vez, esas diferencias cambiaron al incluir algún IDF. Para las variables CC, CR y DR, las estimaciones de h^2 se incrementaron hasta 0,05 unidades al incluir algún IDF; sin embargo, para las variables PC y GR las estimaciones de h^2 disminuyeron en promedio 0,03 en los análisis donde se incluyó algún IDF. Con relación a las r_g , en el análisis donde no se incluyó algún IDF, el promedio fue de 0,53 con estimaciones en un intervalo de 0,01 a 0,97; a diferencia de los resultados donde si se incluyó algún IDF, el promedio fue 0,59, con estimaciones superiores a 0,20, y solo una estimación fue de 0,16 (CC con GR en el MUV con CRP). Los principales cambios en las r_g se observaron en las variables CC con CR, con una estimación cercana a cero (0,01) en el MUV donde no se incluyó algún IDF, la cual se incrementó a valores de 0,31 en el MUV incluyendo IDF; un comportamiento diferente se observó en la r_g de PC con DR, con estimación de 0,58 sin considerar IDF y 0,52 al incluir los IDF. Se observaron otros cambios en las estimaciones de r_g que no presentaron una tendencia clara al incluir algún IDF. En general, para las variables PC y GR se observó una disminución en la estimación de h^2 al incluir algún IDF, siendo el de mayor efecto la F; por otro lado, en las variables CC, CR y DR se incrementó la estimación de h^2 al incluir los IDF, siendo el de mayor efecto el CRP. Estos resultados se pueden atribuir a que la homocigosis que se genera con el incremento de los niveles de consanguinidad afectó la estimación de la varianza genética aditiva en las variables PC y GR; no obstante, el CRP considera todas las relaciones genéticas aditivas de un individuo con el resto de la población, lo cual incrementó la estimación de la varianza genética aditiva en las variables CC, CR y DR. Estos resultados difieren a los reportados por Gómez *et al.* (2009); estos autores incluyeron las covariables F y ΔF en modelos multivariados para ocho características en caballos españoles y los cambios en las estimaciones de parámetros genéticos no

fueron superiores a 0,01.

Todas las estimaciones de h^2 son de mediana magnitud, lo cual indica que las características evaluadas presentan variabilidad genética y pueden expresar respuesta a la selección. Estimaciones de h^2 de diferentes poblaciones de equinos, principalmente del centro y el este de Europa, fueron analizadas por Albertsdóttir *et al.* (2007), Bakhtiari y Heshmat (2009) y Thiruvankadan *et al.* (2009), y las estimaciones de h^2 del presente estudio se sitúan alrededor de los promedios reportados por esos autores. Para el caso particular de equinos de origen Ibérico, como es el caso del caballo PSL, las estimaciones del presente estudio son inferiores a las publicadas por Molina *et al.* (1999) y Gómez *et al.* (2009) en variables zoométricas y de morfología en caballo de pura raza española; sin embargo, coinciden en magnitud a las publicadas por Gómez *et al.* (2010) en caballos de carreras de origen Español. Las correlaciones genéticas se derivan de los efectos genéticos de pleiotropismo y de ligamiento (Falconer y Mackay, 1996); sin embargo, las estimaciones a través de poblaciones y de variables pueden ser muy diferentes en magnitudes y signos, dado la composición genética de cada población y la naturaleza de las variables de interés (Ruhlmann *et al.*, 2009; Thiruvankadan *et al.*, 2009). Correlaciones genéticas positivas de mediana a alta magnitud fueron reportadas por Bakhtiari y Heshmat (2009) y Molina *et al.* (1999) en variables de conformación y morfológicas en equinos de origen Iraní y Español, respectivamente.

CONCLUSIONES

La consanguinidad no ha afectado el desempeño fenotípico de las variables de morfología, dado que las tendencias a través de los niveles de consanguinidad y de sus indicadores, fueron estadísticamente igual a cero ($p > 0,05$). En las estimaciones de parámetros genéticos, en las variables pe-

EFFECTOS DE CONSANGUINIDAD EN EL CABALLO LUSITANO DE MÉXICO

cho y grupa disminuyó las estimaciones de heredabilidad al incluir la consanguinidad del individuo; por otro lado, para las variables cabeza-cuello, cruz y dorso se incrementaron las estimaciones de heredabilidad

al incluir los indicadores de consanguinidad, siendo el de mayor efecto el coeficiente de relación promedio. Estos efectos se asocian directamente con la estimación de la varianza genética aditiva.

BIBLIOGRAFÍA

- Albertsdóttir, E.; Eriksson, S.; Näsholm, A.; Strandberg, E. and Árnason, Th. 2007. Genetic analysis of competition data on Icelandic horses. *Livest Sci*, 110: 242-250.
- Bakhtiari, J. and Heshmat, G. 2009. Estimation of genetic parameters of conformation traits in Iranian Thoroughbred horses. *Livest Sci*, 123: 116-120.
- Boldman, K.G.; Kriese, L.A.; Van Vleck, L.D.; Van Tassell, C.P. and Kachman, S.D. 1995. A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances (Draft). USDA, ARS. USA. 114 pp.
- Casanova L.; Hagger, C.; Kuenzi, N. and Schneeberger, M. 1992. Inbreeding in Swiss Braunvieh and its influence on breeding values predicted from a repeatability animal model. *J Dairy Sci*, 75: 1119-1126.
- Domínguez-Viveros, J.; Rodríguez-Almeida, F.A.; Ortega-Gutiérrez, J.A. y Santellano-Estrada, E. 2012. Descripción de la consanguinidad en la cría de caballos en México. *Mundo Equino*, 55: 36-39.
- Falconer, D.S. y Mackay, T.F.C. 1996. Introducción a la genética cuantitativa. 4ª. Ed. Longman Pub. London, UK. 474 pp.
- Fioretti, M.; Rosati, A.; Pieramati, C. and Van Vleck, L.D. 2002. Effect of including inbreeding coefficients for animal and dam on estimates of genetic parameters and prediction of breeding values for reproductive and growth traits of Piedmontese cattle. *Livest Prod Sci*, 74: 137-145.
- Gómez, M.D.; Valera, M.; Molina, A.; Gutiérrez, J.P. and Goyache, F. 2009. Assessment of inbreeding depression for body measurements in Spanish Purebred (Andalusian) horses. *Livest Sci*, 122: 149-155.
- Gómez, M.D.; Valera, M. and Molina, A. 2010. Genetic analysis of racing performance of trotter horses in Spain. *Livest Sci*, 127: 197-204.
- González-Recio, O.; López de Maturana, E. and Gutiérrez, J.P. 2007. Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. *J Dairy Sci*, 90: 5744-5752.
- Gutiérrez, J.P.; Altarriba, J.; Díaz, C.; Quintanilla, R.; Cañón, J. and Piedrafita, J. 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet Sel Evol*, 35: 43-63.
- Gutiérrez, J.P. and Goyache, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysis pedigree information. *J Anim Breed Genet*, 122: 172-176.
- Gutiérrez, J.P.; Cervantes, I.; Molina, A.; Valera, M. and Goyache, F. 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating realised effective sizes from pedigrees. *Genet Sel Evol*, 40: 359-378.
- Langlois, B. and Vrijenhoek, T. 2004. Qualification status and estimation of breeding value in French trotters. *Livest Prod Sci*, 89: 187-194.
- Molina, A.; Valera, M.; Dos Santos, R. and Rodero, A. 1999. Genetic parameters of morphofunctional traits in Andalusian horse. *Livest Prod Sci*, 60: 295-303.
- Ruhlmann, C.; Janssens, S.; Philipsson, J.; Thorén-Hellsten, E.; Croll, H.; Quinn, K.; Manfredi, E. and Ricard, A. 2009. Genetic correlations between horse show jumping competition traits in five European countries. *Livest Sci*; 122: 234-240.
- Ruiz-Flores, A.; García-Munguía, C.A.; Núñez-Domínguez, R.; Ramírez-Valverde, R.; López-Ordaz, R. and García-Muñiz, J.G. 2011. Inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos de evaluación genética de bovinos Jersey y Suizo Americano en México. *Rev Mex Cienc Pec*, 2: 381-391.
- SAGARPA. 2009. Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. Reglamento técnico de la Asociación Mexicana de Criadores de Caballos Lusitanos. México D.F. 35 pp.

DOMÍNGUEZ-VIVEROS, RODRÍGUEZ-ALMEIDA Y ORTEGA-GUTIÉRREZ

- Sobczyńska, M. 2010. Genetic parameters of racing performance indices in Polish Arabian horses. *Livest Sci*, 131: 245-249.
- Tavernier, A. 1990. Estimation of breeding value of jumping horses from their ranks. *Livest Prod Sci*, 26: 277-290.
- Thiruvenkadan, A.K.; Kandasamy, N. and Panneerselvam, S. 2009. Inheritance of racing performance of trotter horses: An overview. *Livest Sci*, 124: 163-181.
- Van Eldik, P.; van der Waaij, E.H.; Ducro, B.; Kooper, A.W.; Stout, T.A.E. and Colenbrander, B. 2006. Possible negative effects of inbreeding on semen quality in Shetland pony stallions. *Theriogenology*, 65: 1159-1170.
- Vergara, G. 2012. El caballo Portugués o Pura Sangre Lusitano. *Mundo Equino*, 55: 54-55.
- Vicente, A.; Carolino, N. e Gama, L.T. 2009. Indicadores demográficos no cavalo lusitano. *Arch Zootec*, 58: 501-504.