

nitrófilas que las demás gramíneas estudiadas, parecen tener un comportamiento distinto ante el fósforo, ya que las dos últimas especies presentan unos porcentajes en peso mayores, en parcelas en las cuales el fósforo está presente en dosis ligeramente altas.

3.—Referente al grupo de «otras» se aprecia una gran diferencia entre el *P. lanceolata* con el resto, pues si bien el crecimiento de estas plantas no suele ser óptimo con el fósforo, la especie anteriormente descrita es la más sensible a este fertilizante, ya que su presencia es mayoritaria en parcelas carentes de fósforo.

#### RESUMEN

Se ha estudiado la respuesta de las especies pratenses encontradas en un prado de regadío, a la aplicación de diferentes dosis de abonado NPK. Se observa, cómo dentro de las gramíneas existen diversos grupos de acuerdo con su afinidad al nitrógeno, destacando como más nitrófilas *D. glomerata*, *H. lanatus*, *P. trivialis* y *T. flavescens*, si bien las dos últimas requieren más fósforo que las primeras. Las leguminosas crecen bien con dosis bajas de nitrógeno pero en presencia de fósforo. Del grupo de otras plantas pratenses el *P. lanceolata* es la más sensible a la presencia de fósforo.

#### THE INFLUENCE OF INCREASED RATES OF N-P-K ON MOUNTAIN MEADOWS

#### III. CHANGES IN BOTANICAL COMPOSITION

#### SUMMARY

It was studied the changes in botanical composition on a irrigated meadow according to the different rates of N-P-K. In grasses there are difference owing to the affinity to nitrogen the more «nitrophilus» plants are: *D. glomerata*, *H. lanatus*, *P. trivialis* and *T. flavescens*, but the two latest need more phosphorus than the first one. The growth of legumes are better with high levels of P and low of N. In the group «other herbaceous plants», *P. lanceolata* is the most sensible to phosphorus.

#### BIBLIOGRAFIA

- 1) KREIL, W., WACKER, G., KALTOFEN, H., HEY, E. (1965).—The effects of heavy applications of nitrogen fertilizer on the yield botanical and chemical composition of pasture grass. *Nitrogen and grassland*. Proceeding of the first General Meeting of the European Grassland Federation. Wageningen.
- 2) LIIV, J. (1970).—Changes in botanical composition and yield of plants communities under intensive fertilization. *Proceeding of the XI International Grassland Congress*, Queensland, Australia, 646-649.
- 3) MARSAL, P. (1974).—*Methodes d'analyse statistique des entreprises agricoles* (versión provisional), I.N.R.A., París, 373 pp.
- 4) REITH, J. W. S. y col. (1964).—The effects of fertilizers on herbage production. II. The effect of nitrogen, phosphorus and potassium on botanical and chemical composition, *J. agric. Sci. Camb.*, 63, 209-219.

#### COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD Y ESTRUCTURA GENETICA EN LA RAZA VACUNA DE LIDIA

Por M. Vallejo  
E. Monge

#### INTRODUCCION

El conocimiento del coeficiente de consanguinidad de las distintas ganaderías de lidia, ha despertado mucho interés debido a que, últimamente parece relacionarse una elevada endogamia con una de las concausas en el síndrome de las «caídas de los toros en las plazas». Por ello se está insistiendo en la estimación de este parámetro que, de ser importante, indudablemente podría influir negativamente en los rendimientos de algunas de las características productivas de la ganadería brava, al ocasionar la depresión endogámica deterioro en el vigor y en la salud de los animales.

Así, Jordano<sup>4</sup> estudiando esta problemática mediante genealogías ascendentes (pedigree) en 19 ganaderías, y a partir de 360 toros, obtiene un coeficiente medio de consanguinidad de  $F = 0,0579$ . Zarazaga et al.<sup>10</sup> evaluando asimismo la consanguinidad media de una ganadería brava, mediante 164 genealogías con un mínimo de 5 generaciones, obtienen un  $F = 0,046$ .

Es evidente que la estimación de un coeficiente de consanguinidad a través de genealogías ascendentes<sup>4, 10</sup> está condicionada, por un lado, a la exactitud de los datos recopilados y que deben ser extraídos directamente de la documentación existente en las explotaciones ganaderas; por otro, dicha estimación se ve además influenciada negativamente por dos inconvenientes:

— En razas que no son de lidia, en los comienzos de constitución de los libros genealógicos correspondientes, los especialistas han estimado unos porcentajes de error en relación con la verificación de paternidades que, en algunas ocasiones se han cifrado en un orden superior al de un 30%. Esta fuente de error en las paternidades, puede existir en las ganaderías bravas y de hecho no debe descartarse, teniendo en cuenta el sistema de apareamiento seguido en ellas (monta libre).

— El porcentaje de genealogías válidas para este tipo de estudios normalmente suele ser muy inferior del de las recopiladas en todo su conjunto, en función de que no todas aparecen completas, por lo que la información suministrada por estas últimas es nula, con la consiguiente pérdida de información y tiempo.

Estos inconvenientes han motivado que se hayan intentado estimar los coeficientes de consanguinidad, mediante los más variados orígenes y las fórmulas más diversas, derivadas estas últimas de la estructura genética de las poblaciones. En este sentido si la estructura genética de las «especies», desde la óptica de sus interrelaciones, es posible definirla en función de las variaciones existentes entre las frecuencias génicas<sup>2</sup>, la de una raza puede definirse, en términos de desviaciones de las frecuencias esperadas, si la población analizada se encontrara en equilibrio de Hardy-Weinberg. Según Bodmer et al.<sup>1</sup> estas desviaciones de homocigotos y heterocigotos, suministran una estimación de la consanguinidad media de la población en donde se estimaron, que refleja, a su vez, los efectos de la selección y de los específicos sistemas de apareamiento seguidos.

En base a esto, Kidd et al.<sup>5</sup>, analizando la estructura genética de diversas poblaciones vacunas ibéricas, asignan a la raza de lidia un coeficiente de endogamia de  $\hat{f} = 0,171$ . Que esta estimación es extremadamente elevada, puede deducirse del hecho de que es de un orden superior al que se obtendría si en la explotación de origen, se siguiera un sistema de apareamiento entre medios hermanos y este teórico sistema indudablemente no es el seguido por los criadores de reses bravas de una forma sistemática. Como por otro lado, es muy superior a los coeficientes de consanguinidad estimados mediante genealogías<sup>4,10</sup>, en el presente trabajo se pretende contrastar las estimaciones de endogamia que pueden derivarse del estudio genético de las poblaciones.

## MATERIAL Y METODOS

*Origen de los animales.*—El material animal tiene dos procedencias bien diferenciadas. La primera está representada por 41 novillos de una misma ganadería, cuyas muestras de sangre se extrajeron el día del herradero, siendo asimismo los utilizados por Zarazaga et al.<sup>10</sup> para estimar el coeficiente de consanguinidad media de dicha población, por pedigree. Dentro de la segunda, se agrupan 156 toros lidiados pertenecientes a 9 ganaderías distintas y cuyas muestras sanguíneas se extrajeron en los mataderos de las plazas donde fueron lidiados.

*Tipificación sanguínea.*—Las muestras de sangre han sido tipificadas frente a los reactivos de grupos sanguíneos anti-F y anti-V y para los polimorfismos bioquímicos hemoglobina (Hb), albúmina (Al), transferrina (Tf), anhidrasa carbónica (Ca) y amilasa (Am), siguiendo las técnicas hemolíticas y electroforéticas standards.

*Coefficiente de endogamia.*—Cuatro coeficientes de consanguinidad ( $\hat{f}$ ), se han estimado.

\* Coeficiente de Haldane y Moshinsky<sup>3</sup>, basado en las frecuencias genotípicas de la población:

$$\hat{f} = 4DR - H^2 / (2D + H) (H + 2R)$$

en donde D y R representan las frecuencias de los genotipos homocigotos y H las de los heterocigotos.

\* Coeficiente basado en el porcentaje total de heterocigotos y homocigotos<sup>7</sup>:

$$\hat{f} = H_{HW} - H_0 / H_{HW}$$

en donde  $H_{HW}$  representa las proporciones esperadas de genotipos heterocigóticos, suponiendo que la población se encuentra en equilibrio de Hardy-Weinberg y  $H_0$  son las proporciones observadas de heterocigotos en la muestra poblacional analizada.

\* Coeficiente de Li y Horvitz<sup>8</sup> estimado a partir de las desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg, ya que dicha desviación puede considerarse como una consecuencia de la endogamia:

$$\hat{f} = \sqrt{\chi^2 / N(k-1)}$$

en donde  $\chi^2$  representa el valor de  $\chi^2$  calculado en el test del mismo nombre, para estimar la desviación de todos los genotipos presentes de los esperados en situación de equilibrio genético; N es el número total de individuos testados por locus y k es el número de alelos de dicho locus.

Para estos tres coeficientes, la estimación media de la población se calcula mediante la siguiente fórmula<sup>5</sup>:

$$\hat{f} = \sum f_i n_i (k_i - 1) / \sum n_i (k_i - 1)$$

en donde i representa el i locus;  $f_i$  el coeficiente de consanguinidad estimado para ese locus i;  $n_i$  el número de individuos testados y  $k_i$  el número de alelos del locus i.

\* Fórmula de Wahlund<sup>9</sup>, en la que se estima el F a partir de la media y varianza de la frecuencia de un gen presente en una serie de subpoblaciones procedentes a su vez de una gran población originaria de aquéllas:

$$\hat{f} = \sigma_q^2 / \bar{q} (1 - \bar{q})$$

en donde  $\bar{q} = \sum q_i / k$  y  $\sigma_q^2 = \sum q_i^2 / k - \bar{q}^2$ , siendo  $q_i$  la frecuencia de un determinado gen en el locus i de una subpoblación y k el número de subpoblaciones.

## RESULTADOS

Como las estimaciones de los coeficientes de consanguinidad están todas ellas basadas en las desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg, para este estudio sólo se han podido utilizar los sistemas genéticos codominantes en los que es posible identificar los genotipos homocigotos y heterocigotos. Tanto los sistemas dominantes simples, en los que no hay suficientes grados de libertad para testar las desviaciones de Hardy-Weinberg, como los complejos sistemas de grupos sanguíneos, en los que no es posible identificar los heterocigotos, no han podido utilizarse. Los grados de

libertad para cada  $\chi^2$  de equilibrio son calculados como «número de clases fenotípicas posibles» menos «número de alelos presentes».

**TABLA I**  
Distribución de fenotipos y frecuencias génicas de 6 sistemas genéticos, en una población de 41 novillos de la raza de lidia

| Loci                 | FV   | Hb   | Al   | Tf   | Ca   | Am   |
|----------------------|--|--|--|--|--|--|
| Parámetros           | n = 41   | n = 40   | n = 39   | n = 39   | n = 40   | n = 32   |
| Número de Fenotipos  | F : 5<br>FV : 30<br>V : 6                        | Hb A : 37<br>Hb AB : 3<br>Hb B : —               | Al S : —<br>Al SF : 1<br>Al F : 38               | Tf A : 8<br>Tf AD <sub>2</sub> : 22<br>Tf AE : 1<br>Tf D <sub>2</sub> : 8              | Ca S : 38<br>Ca SF : 2<br>Ca F : —               | Am B : 16<br>Am BC : 10<br>Am C : 6              |
| Frecuencias Alélicas | FV <sup>F</sup> : 0,49<br>FV <sup>V</sup> : 0,51 | Hb <sup>A</sup> : 0,96<br>Hb <sup>B</sup> : 0,04 | Al <sup>S</sup> : 0,01<br>Al <sup>F</sup> : 0,99 | Tf <sup>A</sup> : 0,50<br>Tf <sup>D<sub>2</sub></sup> : 0,49<br>Tf <sup>E</sup> : 0,01 | Ca <sup>S</sup> : 0,98<br>Ca <sup>F</sup> : 0,02 | Am <sup>B</sup> : 0,66<br>Am <sup>C</sup> : 0,34 |
| $\chi^2$ equilibrio  | 8,83***  | 0,06   | 0,00   | 1,95   | 0,02   | 3,02   |

\*\*\* P < 0,001

En la tabla I se resume la distribución de fenotipos encontrados y frecuencias alélicas estimadas para los loci investigados en la población constituida por los 41 novillos que fueron utilizados, a su vez, por Zarazaga et al.<sup>10</sup>, para estimar el coeficiente medio de consanguinidad, mediante genealogías ascendentes.

En la tabla II se especifican los coeficientes de consanguinidad estimados mediante las fórmulas de Haldane y Moshinsky<sup>3</sup>, desviación de heterocigotos<sup>7</sup> y de Li y Horvitz<sup>8</sup>, a partir de los datos anteriores y el obtenido por pedigree<sup>10</sup> en la misma población.

**TABLA II**  
Coeficientes de consanguinidad estimados por metodologías distintas a partir de la misma población animal (41 novillos) en la raza vacuna de lidia

| F+ (pedigree) | Loci            | n  | Haldane y Moshinsky | $\frac{H_{HW} - H_0}{H_{HW}}$ | Li y Horvitz | H obs.* | H esp.** |
|---------------|-----------------|----|---------------------|-------------------------------|--------------|---------|----------|
| 0,048         | FV              | 41 | -0,4643             | -0,4640                       | 0,4641       | 73,17   | 49,98    |
|               | Hb              | 40 | -0,0390             | 0,0234                        | 0,0387       | 7,50    | 7,68     |
|               | Al              | 39 | -0,0130             | -0,2929                       | —            | 2,56    | 1,98     |
|               | Tf              | 39 | —                   | -0,1567                       | 0,1584       | 58,97   | 50,98    |
|               | Ca              | 40 | -0,0256             | -0,2755                       | 0,0224       | 5,—     | 3,92     |
|               | Am              | 32 | 0,0966              | 0,3037                        | 0,3072       | 31,25   | 44,88    |
|               | $\hat{f}$ total |    | -0,1158             | -0,1594                       | 0,1889       | —       | —        |

— No se calcula.

+ Zarazaga et al.<sup>10</sup>

\* H obs. Heterocigotos observados.

\*\* H esp. Heterocigotos esperados.

Unicamente para el sistema FV de grupos sanguíneos, ha podido observarse una desviación altamente significativa ( $P < 0,001$ ) del equilibrio de Hardy-Weinberg, siendo curioso comprobar el número tan elevado de estimaciones de F negativas que han aparecido. Esta última situación, observada igualmente por Kidd et al.<sup>5</sup>, en la raza de lidia es lógica, desde el punto de vista matemático, ya que tanto si en un sistema no se observa uno de los genotipos homocigotos (en el caso de los sistemas dialélicos), como si el número de heterocigotos esperados es menor que el observado, las estimaciones calculadas a partir de las fórmulas de Haldane y Moshinsky<sup>3</sup> y desviación de heterocigotos<sup>7</sup>, tienen que ser negativas, como ocurre en el caso presente y puede comprobarse tras la observación de las tablas I y II.

## DISCUSION

Independientemente de las estimaciones negativas comentadas, puede observarse que las estimaciones medias de los F calculados, difieren sensiblemente entre sí, según sea el método utilizado, desviándose todas ellas de la estimada a partir de las genealogías. En este contexto, ha sido la metodología de Li y Horvitz<sup>8</sup> no sólo la que parece elaborar una mejor estimación media ( $\hat{f} = 0,1889$ ), aunque muy alejada de la obtenida por pedigree ( $F = 0,048$ ), sino la que a nivel de los sistemas Hb ( $\hat{f} = 0,0387$ ) y Ca ( $\hat{f} = 0,0224$ ) ha originado unas  $\hat{f}$  similares a la elaborada mediante pedigree (tabla II).

A fin de comprobar la bondad de la estimación del coeficiente de consanguinidad de Li y Horvitz<sup>8</sup>, se ha comparado el  $\hat{f}$  estimado a partir de cada uno de los 6 marcadores genéticos utilizados (FV, Hb, Al, Tf, Ca y Am) con el  $\hat{f}$  que se obtendría a partir de la fórmula de Wahlund<sup>9</sup>. Este autor estima la media y varianza de la frecuencia de un determinado gen presente en una serie de subpoblaciones, procedentes a su vez de una gran población originaria de aquéllas (cual puede ser la situación de las ganaderías bravas), que se aparean aleatoriamente y comparando las proporciones de Wahlund con las presentadas por una población en equilibrio que posee un coeficiente de consanguinidad  $\hat{f}$ , se obtiene la estimación de ese coeficiente de endogamia, mediante la relación comentada en la metodología, referido naturalmente a la población total.

Para ello, a partir de 156 toros lidiados pertenecientes a 9 ganaderías, se estiman las frecuencias génicas para cada uno de los 6 sistemas genéticos investigados, según se especifican en la tabla III, y finalmente los  $\hat{f}$  correspondientes a cada uno de ellos, según se detallan en la tabla IV.

De la observación de esta última tabla IV parece deducirse que los únicos marcadores que han originado unos coeficientes de consanguinidad paralelos, según las dos metodologías utilizadas, en sus respectivas estimaciones, han sido los polimorfismos bioquímicos eritrocitarios hemoglobina (Hb) y anhidrasa carbónica (Ca), que por otra parte han sido también los únicos que han mostrado un porcentaje similar de homocigotos en la población total, circunstancia que debe

**TABLA III**  
Frecuencias alélicas en 6 sistemas genéticos estimadas en toros lidiados procedentes de 9 ganaderías de la raza vacuna de lidia

| Ganadería | Alelos | n   | FV <sup>F</sup> | Hb <sup>A</sup> | Al <sup>F</sup> | Tf <sup>A</sup> | Ca <sup>S</sup> | Am <sup>B</sup> |
|-----------|--------|-----|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|-----------------|
| I         |        | 33  | 0,50            | 0,46            | 0,98            | 0,59            | 0,71            | 0,98            |
| II        |        | 24  | 0,31            | 0,64            | 0,46            | 0,73            | 0,78            | 0,34            |
| III       |        | 6   | 0,42            | 0,83            | 0,83            | 0,42            | 0,83            | 1,—             |
| IV        |        | 22  | 0,54            | 0,97            | 1,—             | 0,50            | 0,55            | 0,79            |
| V         |        | 14  | 0,53            | 0,96            | 1,—             | 0,18            | 0,69            | 0,65            |
| VI        |        | 11  | 1,—             | 1,—             | 1,—             | 0,59            | 1,—             | 0,77            |
| VII       |        | 13  | 0,73            | 1,—             | 1,—             | 0,19            | 1,—             | 0,31            |
| VIII      |        | 18  | 0,44            | 0,75            | 1,—             | 0,76            | 0,97            | 0,62            |
| IX        |        | 15  | 0,38            | 0,86            | 1,—             | 0,46            | 0,96            | 0,46            |
| Totales   |        | 156 | 0,52            | 0,78            | 0,91            | 0,53            | 0,81            | 0,67            |

**TABLA IV**  
Coeficientes de consanguinidad calculados en 9 subpoblaciones (ganaderías) y según dos estimaciones distintas, con expresión de los homocigotos correspondientes

| Parámetro | N.º ganaderías (subdivisiones) | N.º de toros | $\chi^2$ (equilibrio) | $\hat{f} = \sqrt{\frac{\chi^2}{N(k-1)}}$ | $\hat{f} = \frac{\sigma^2 p_i}{\bar{p}_i(1-\bar{p}_i)}$ | % de homocigotos |
|-----------|--------------------------------|--------------|-----------------------|--|---|------------------|
| FV        | 9                              | 134          | 23,6185***            | 0,420                                    | 0,157   | 29,10            |
| Hb        | 9                              | 136          | 8,0117***             | 0,243                                    | 0,220   | 74,26            |
| Al        | 9                              | 147          | 40,5621***            | 0,525                                    | 0,390   | 91,84            |
| Tf        | 9                              | 154          | 39,4895***            | 0,292                                    | 0,156   | 53,90            |
| Ca        | 9                              | 138          | 2,5452                | 0,136                                    | 0,172   | 73,19            |
| Am        | 9                              | 139          | 54,1859***            | 0,624                                    | 0,262   | 83,45            |

\*\*\* P < 0,005

resaltarse ya que todas estas estimaciones, como ya se ha dicho, están basadas en las desviaciones entre heterocigotos observados y esperados.

Estas particularidades no deben atribuirse exclusivamente al azar, porque cuando se compararon, en este mismo orden de cosas, los coeficientes de consanguinidad obtenidos a partir del cálculo de las desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg, con el estimado a partir de las genealogías (tabla II), fueron los polimorfismos Hb y Ca los que mostraron un cierto paralelismo. La bondad de estas estimaciones parece confirmarla asimismo el similar porcentaje de homocigotos observados en los sistemas comentados.

La validez de estas estimaciones medias de F, queda minimizada en última instancia cuando se analizan las  $\hat{f}$  estimadas sobre los toros lidiados pertenecientes a

las 9 ganaderías comentadas y a partir exclusivamente de los polimorfismos que se han mostrado como eficaces indicativos del F calculado por pedigree (Hb y Ca) y que se relacionan en la tabla V. Puede comprobarse que han aparecido sensibles diferencias, comprensibles sin embargo, teniendo en cuenta que estas estimaciones, a igualdad del tamaño de población, dependen del valor de  $\chi^2$  y éste puede variar por una serie de causas de las que la migración o flujo de genes, número de animales investigados y deriva genética, pueden ser decisivas e influir de distinta forma a los marcadores citados.

**TABLA V**  
Estimación de  $F - \hat{f} = \sqrt{\chi^2/N(k-1)}$  en toros lidiados procedentes de 9 ganaderías de la raza vacuna de lidia, mediante los marcadores Hb y Ca.

| Ganadería | Hemoglobina |          |           | Anhídrido Carbónico |          |           |
|-----------|-------------|----------|-----------|---------------------|----------|-----------|
|           | n           | $\chi^2$ | $\hat{f}$ | n                   | $\chi^2$ | $\hat{f}$ |
| I         | 27          | 2,93     | 0,329     | 26                  | 0,63     | 0,156     |
| II        | 18          | 1,89     | 0,324     | 18                  | 1,46     | 0,285     |
| III       | 6           | 0,24     | 0,200     | 6                   | 0,24     | 0,200     |
| IV        | 15          | 0,017    | 0,034     | 20                  | 0,89     | 0,212     |
| V         | 14          | 0,019    | 0,037     | 13                  | 1,002    | 0,278     |
| VI        | 11          | —        | —         | 11                  | —        | —         |
| VII       | 13          | —        | —         | 13                  | —        | —         |
| VIII      | 18          | 2,—      | 0,333     | 18                  | 0,015    | 0,029     |
| IX        | 14          | 2,43     | 0,417     | 13                  | 0,021    | 0,040     |

— No han podido calcularse los  $\hat{f}$  respectivos por no existir variabilidad genética en los sistemas estudiados (tabla III).

Por todo ello se cree que las estimaciones de F, que pueden obtenerse a partir de los marcadores genéticos investigados, no van a poder sustituir los estimados por pedigree, al no parecer ser buenos estimadores de aquél, sobre todo cuando se analizan a nivel de estimaciones medias de todos los marcadores utilizados en su elaboración. Si observamos el rango de valores que, en el presente trabajo y para una misma población se han estimado, y que van desde  $\hat{f} = -0,4643$  a  $\hat{f} = 0,4641$  (tabla II) y los estimados a partir de las 9 poblaciones analizadas, cuya amplitud de variación oscila entre  $\hat{f} = 0,029$  y  $0,624$  (tablas IV y V), puede afirmarse que la mayoría de ellos no reflejan, o por lo menos no pueden reflejar una realidad, por los sistemas de apareamiento tan consanguíneos que implicarían.

Considerando además que el apareamiento en las ganaderías bravas se realiza más entre individuos parecidos fenotípicamente que entre consanguíneos, que inducen a minimizar las influencias derivadas de la endogamia, es evidente que los resultados alcanzados deben analizarse desde una óptica que permita establecer consideraciones, cuando no conclusiones, de mayor validez dentro de este contexto: el grado de homocigosis de las poblaciones.

Desde un punto de vista puramente conceptual, la probabilidad de identidad de

alelos en un locus, equivaldría a la proporción de homocigotos, correspondiendo entonces esta última al coeficiente de consanguinidad, siempre que en la población base todos los alelos fueran diferentes. Como esta situación normalmente no se da, toda vez que en una generación los individuos homocigotos no poseerán necesariamente alelos idénticos por descendencia, esta proporción de homocigotos sobreestimaré el coeficiente de consanguinidad. Por esta razón no suele haber una perfecta correlación entre F y % de homocigotos, lo que hace que deban considerarse estos parámetros independientemente, confirmando lo expuesto por Lerner y Donald<sup>6</sup>, en el sentido de que la endogamia no parece conducir a un incremento esperado en los **grados de fijación de muchos de los loci**.

Como tanto la estimación de un coeficiente de consanguinidad como la influencia que pudiera ejercer en la estructura genética de los sistemas investigados tienen sus limitaciones, creemos que en este sentido sería preferible establecer el grado de homocigosis que puede existir en una determinada ganadería, más que el propio coeficiente de consanguinidad, cuya información genética, tras estos considerandos no es decisiva.

No se insiste más en estos aspectos, pero es evidente que investigaciones posteriores podrán confirmar las consideraciones que se han comentado y abrir nuevas perspectivas en relación con la problemática derivada de la estimación de los coeficientes de consanguinidad de las explotaciones ganaderas, mediante los marcadores genéticos.

#### RESUMEN

En dos poblaciones vacunas de la raza de lidia (41 novillos de una misma ganadería y 156 toros lidiados procedentes de 9 ganaderías) se estiman los coeficientes de consanguinidad derivados de los marcadores genéticos FV, Hb, Al, Tf, Ca y Am y fórmulas de Haldane y Moshinsky, heterocigotos esperados y observados, Li y Horvitz y finalmente por la de Wahlund. Posteriormente se comparan entre sí y con el coeficiente calculado mediante genealogías ascendentes. Se concluye que los marcadores citados no proporcionan fidedignas estimaciones de los coeficientes de endogamia, al dar valores superiores a los que se obtendrían, si los apareamientos en las ganaderías bravas se realizaran con sistemas altamente consanguíneos (medios hermanos) y desviarse sensiblemente con el estimado por pedigree.

#### INBREEDING COEFFICIENT AND GENETIC STRUCTURE RELATIONSHIPS IN «DE LIDIA» SPANISH CATTLE BREED

#### SUMMARY

Two populations of Spanish cattle breed (de lidia) —41 young bulls and 156 bulls fought from 9 livestock— were tested for 6 codominant polymorphic systems: FV

blood group and Hb, Al, Tf, Ca and Am biochemical polymorphisms, to calculate several estimates of the inbreeding coefficient: Haldane and Moshinsky coefficient, expected and observed proportions of heterozygotes assuming the genotypes are in Hardy-Weinberg proportions, Li and Horvitz and Wahlund distribution. Afterwards, these estimates are compared between them and with the inbreeding coefficient estimate by means of pedigree. We conclude that studied genetic markers do not provide a creditable estimate of the inbreeding coefficient for two reasons: the average values estimates are exceedingly high, greater than that expected if all of the animals were progeny of half-sib matings and so they present a remarkable deviations of the inbreeding coefficient calculated from pedigree.

#### AGRADECIMIENTOS

Queremos expresar nuestro agradecimiento al Departamento de Genética y Mejora de la Facultad de Veterinaria de la Universidad de Zaragoza, donde se realizaron todas las determinaciones laboratoriales; a la Fundación Juan March por la beca de equipo, del que los autores fueron colaboradores, concedida al profesor Dr. don Isaías Zarazaga Burillo y que permitieron en el Departamento citado iniciar el estudio de la estructura genética de la raza de lidia a nivel de toro lidiado; a la Asociación de Investigación del Toro de Lidia que financió parte del trabajo y a la Asociación Nacional de Criadores de Reses Bravas, por las facilidades prestadas en el acceso al herradero estudiado.

#### BIBLIOGRAFIA

- 1) BODMER, W. F., CANN, H. and P. PIAZZA, A. (1972).—Differential genetic variability among polymorphisms as an indicator of natural selection. *Histocompatibility testing*. Munksgaard, Copenhagen, 753-767.
- 2) CAVALLI-SFORZA, L. L. and EDWARDS, A. W. F. (1967). Phylogenetic analysis: models and estimation procedures. *Am. J. Hum. Genet.*, (9), 234-257.
- 3) HALDANE, J. B. S. and MOSHINSKY, P. (1939).—Inbreeding in Mendelian populations with special reference to human cousin marriage. *Ann. Eugenics*, (9), 321-340.
- 4) JORDANO, D. (1978).—Comunicación verbal presentada en una de las reuniones científicas de la «Asociación de Investigación del toro de lidia» en Madrid.
- 5) KIDD, K. K., STONE, W. H., CRIMELLA, C., CARENZI, C., CASATI, M. and ROGNONI, G. (1980). Immunogenetic and population genetic analyses of Iberian cattle. *Anim. Blood Grps. Biochem. Genet.*, (11), 21-38.
- 6) LERNER, M. I. and DONALD, H. P. (1966).—Modern developments in animal breeding. *Academic Press*, London, 47-76.
- 7) LI, C. C. (1955). Population Genetics. *The University of Chicago Press*, Chicago, 138.
- 8) LI, C. C. and HORVITZ, D. G. (1953).—Some methods of estimating the inbreeding coefficient. *Am. J. Human Genet.*, (5), 107-117.
- 9) WAHLUND, S. (1928).—Zusammensetzung von Populationen und Korrelationserscheinungen von Standpunkt der Vererbungslehre aus betrachtet. *Hereditas*, (11), 65-106.
- 10) ZARAZAGA, I.; VALLEJO, M.; MONGE, E.; ALTARRIBA, J. y ARRUGA, M. V. (1978). Situación genética y conservación del toro de lidia español. *Fundación Juan March. Serie Universitaria*, (89), 33-43.