

## Evaluación de la consanguinidad y variabilidad genética del Caballo Peruano de Paso registrado en Ecuador

### Evaluation of inbreeding and genetic variability of the Peruvian Paso Horse registered in Ecuador

Carlos Octavio Larrea Izurieta<sup>1\*</sup>, Mayra Gómez Carpio<sup>2</sup>, Vincenzo Landi<sup>3</sup>,  
Ernesto Antonio Hurtado<sup>1</sup>, Jorge Ignacio Macías Andrade<sup>1</sup>,  
Leila Estefanía Vera Loor<sup>1</sup>, Edwin Lozada Rivadeneira<sup>4</sup>,  
Luis Favian Cartuche Macas<sup>5</sup>

#### RESUMEN

El Caballo Peruano de Paso (CPP) es una raza con ambladura de cuatro tiempos originaria de Perú a partir de los caballos que llegaron en la época de la conquista de América. El objetivo del estudio fue conocer el nivel de consanguinidad y el efecto sobre la variabilidad genética en la raza. Se analizaron 8330 animales que incluyó la población de CPP nacidos en Ecuador y su ascendencia peruana (PT) y dos poblaciones de referencia de animales nacidos en Ecuador (PE) y nacidos entre 2008 y 2018 (PR). Las generaciones trazadas promedio fueron de  $9.18 \pm 3.89$  (PT),  $11.14 \pm 2.23$  (PE) y  $12.83 \pm 1.42$  (PR) y la completitud del pedigrí sobre el 90% en la primera, cuarta y quinta generación de PT, PE y PR, respectivamente. Intervalo generacional promedio de  $8.72 \pm 4.56$  (PT),  $8.79 \pm 4.30$  (PE) y  $9.20 \pm 4.61$  (PR). Promedio de consanguinidad individual: 5.97% (PT), 6.83% (PE) y

<sup>1</sup> Carrera de Medicina Veterinaria, Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López, Calceta, Ecuador

<sup>2</sup> Associazione Nazionale Allevatori Specie Bufalina, Caserta, Italia

<sup>3</sup> Departamento de Medicina Veterinaria, Università degli Studi di Bari Aldo Moro, Bari, Italia

<sup>4</sup> Asociación Charolais del Ecuador, Macas, Ecuador

<sup>5</sup> Universidad Estatal Amazónica Sede Lago Agrio, Nueva Loja, Ecuador

\* E-mail: colirbba@hotmail.com

Recibido: 4 de diciembre de 2021

Aceptado para publicación: 28 de agosto de 2022

Publicado: 27 de octubre de 2022

©Los autores. Este artículo es publicado por la Rev Inv Vet Perú de la Facultad de Medicina Veterinaria, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Este es un artículo de acceso abierto, distribuido bajo los términos de la licencia Creative Commons Atribución 4.0 Internacional (CC BY 4.0) [<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.es>] que permite el uso, distribución y reproducción en cualquier medio, siempre que la obra original sea debidamente citada de su fuente original

8.11% (PR) y relación de parentesco: 9.02% (PT), 10.56% (PE) y 11.56% (PR). Incremento individual de consanguinidad por año fue de 0.13% y por generación de 1.13%. El tamaño efectivo de la población fue menor a 50. Las probabilidades de origen de los genes resultaron mayores a uno. Se concluye la ocurrencia de pérdida de variabilidad genética por efecto de cuello de botella y deriva genética.

**Palabras clave:** ambladura, ancestro, demografía, incremento de consanguinidad, parentesco, pedigrí

## ABSTRACT

The Peruvian Paso Horse (CPP) is a breed with a four-stroke gait originating in Peru from the horses that arrived at the time of the conquest of America. The aim of this study was to know the level of inbreeding and the effect on genetic variability in the breed. In total, 8330 animals were analysed that included the population of CPP born in Ecuador and their Peruvian ancestry (PT) and two reference populations of animals born in Ecuador (PE) and born between 2008 and 2018 (PR). The average traced generations were  $9.18 \pm 3.89$  (PT),  $11.14 \pm 2.23$  (PE) and  $12.83 \pm 1.42$  (PR) and the completeness of the pedigree was over 90% in the first, fourth and fifth generations of PT, PE and PR, respectively. Average generation interval of  $8.72 \pm 4.56$  (PT),  $8.79 \pm 4.30$  (PE) and  $9.20 \pm 4.61$  (PR). Average individual consanguinity: 5.97% (PT), 6.83% (PE) and 8.11% (PR) and kinship relationship: 9.02% (PT), 10.56% (PE) and 11.56% (PR). Individual increase in consanguinity per year was 0.13% and per generation 1.13%. The effective size of the population was less than 50. The probabilities of origin of the genes were greater than one. The occurrence of loss of genetic variability due to the bottleneck effect and genetic drift is concluded.

**Key words:** gait, ancestor, demography, increase in consanguinity, kinship, pedigree

## INTRODUCCIÓN

El Caballo Peruano de Paso (CPP) es una raza originaria del Perú, y desde su formación en 1531 a partir de los caballos que llegaron a Sudamérica durante la invasión española, contribuyó al desarrollo de las actividades económicas del Perú (Montenegro *et al.*, 2018). La crianza de animales de esta raza ha tomado gran interés en el transcurso del tiempo, no solo en Perú, sino también a nivel internacional (Barrantes *et al.*, 2009). En el caso de Ecuador, la información genealógica reposa en el Libro Genealógico de la Asociación Nacional Ecuatoriana de Criadores y Propietarios de Caballo de Paso (ANECPCP), donde constan inscritos 5687 animales nacidos en Ecuador e importados

(hasta diciembre de 2020). Asimismo, los ejemplares fundadores de la raza y exportados a Ecuador se encuentran registrados en el Libro Genealógico de la Asociación Nacional de Criadores y Propietarios de Caballos Peruano de Paso (ANCPCPP) en Perú.

Los caballos de ambladura, definidos como aquellos que pueden trabajar en aires intermedios de dos movimientos laterales, en el cual las dos extremidades del mismo lado del caballo se desplazan hacia adelante a la vez (González, 2018). El CPP realiza un paso llamado «paso llano», que es un paso lateral de cuatro tiempos entre el paso y el galope (Axling, 2015), donde el CPP tiene la particularidad de realizar un movimiento de balanceo hacia afuera de las extremidades anteriores que se conoce como «termino»

(Nicodemus y Clayton, 2003). Promerová *et al.* (2014) hicieron un estudio comparativo de las secuencias genéticas del gen DMRT3 responsable de la ambladura en razas que demuestran este andar, indicando que el CPP tiene el 100% de alelos homocigotos para dicho gen; asimismo, Wutke *et al.* (2016) mencionan que este alelo se distribuye en todo el mundo con una frecuencia especialmente alta en los caballos con marcha y en razas utilizadas para carreras de arneses.

No se han realizado estudios referentes a los niveles de consanguinidad en el CPP registrado en Ecuador; sin embargo, el conocimiento del nivel del coeficiente de endogamia promedio de la población es de enorme importancia porque permite obtener una imagen de la estructura interna de una población y su evolución en el tiempo (Gómez *et al.*, 2011a). La caracterización y el manejo eficiente de los niveles de consanguinidad ha sido y seguirá siendo un objetivo importante en los programas de cría animal para asegurar que las poblaciones puedan adaptarse a los objetivos de cría (Howard *et al.*, 2017), los cuales pueden conducir a un rápido progreso genético; sin embargo, también podría conducir a un alto nivel de endogamia y, en consecuencia, a una deriva genética (Giontella *et al.*, 2020).

El apareamiento entre parientes es uno de los métodos de reproducción más importantes que se utilizan para consolidar las cualidades hereditarias de los animales (Kalashnikov *et al.*, 2020). Sin embargo, los efectos negativos de la consanguinidad dan como resultado una reducción en el valor medio de un rasgo (depresión endogámica) (Doekes *et al.*, 2019; Kasarda *et al.*, 2019; Kalashnikov *et al.*, 2020), situación que puede ocasionar la pérdida de la variabilidad genética (Müller-Unterberg *et al.*, 2017; Bussiman *et al.*, 2018), afectando principalmente los aspectos de supervivencia, producción, reproducción, morfología y resistencia a las enfermedades (Howard *et al.*, 2017; Kasarda *et al.*, 2019).

La importancia de la estrategia de mejoramiento genético y de la reproducción es preservar el más alto nivel de las fuentes de biodiversidad genética en las razas, representado por la variabilidad genética y el nivel mínimo de endogamia (Kasarda *et al.*, 2019), por lo que requiere del desarrollo de parámetros óptimos para el uso de la endogamia en los programas de cría de caballos, lo que implica que la comprensión de la distribución de la carga genética es importante para mejorar el valor fenotípico de una población en el futuro (Todd *et al.*, 2018). Es importante considerar, además, que la consanguinidad por arriba de cierto umbral se asocia con efectos negativos e indeseables (Domínguez *et al.*, 2014). Por otro lado, no se consideran animales endogámicos si no hay un ancestro común en las últimas cinco generaciones (Ocampo y Cardona, 2013).

El objetivo de este trabajo fue determinar la evolución de la tasa media de consanguinidad y variabilidad genética en el CPP registrado en Ecuador y en una población de referencia de estos caballos nacidos entre 2008 y 2018.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Animales y Registros

La información genealógica se obtuvo de los registros de la Asociación Nacional Ecuatoriana de Criadores y Propietarios de Caballo de Paso (ANECPCP). Se analizaron 4968 registros de animales nacidos en Ecuador desde 1985 hasta diciembre de 2020. Se complementó con 3457 registros de los ancestros de estos animales (caballos y yeguas) importados desde Perú e inscritos en el libro genealógico de la Asociación Nacional de Criadores y Propietarios de Caballo Peruano de Paso (ANPCPP) en Perú, para un total de 8425 animales desde año 1932 hasta 2020; sin embargo, se descartó la población que nació en 2019 y 2020 por haber pocos animales registrados, reduciendo el

análisis a 8330 registros (animales nacidos y registrados en Ecuador y sus ancestros registrados en Perú y otros países), a la cual se le denominó población total (PT).

Se consideraron como poblaciones de referencia a la población de animales nacidos y registrados en el pedigrí de la ANECPCP (PE) hasta diciembre de 2018 (n= 4870 registros) y otra población donde solo se consideró los animales nacidos entre 2008 y 2018 (PR) (n=1950 animales inscritos) que se asume que serán los padres de la siguiente generación. Se utilizó el software Endog v 4.8 para el análisis de los datos (Gutiérrez y Goyache, 2005).

### Completitud del Pedigrí

La integridad de la información del pedigrí para cada individuo se basó en: (a) el número máximo de generaciones completas (GC), definido como el número de generaciones que separan al individuo de la generación más lejana donde se conocen todos los ancestros; (b) el número máximo de generaciones trazadas (GT), entendido como el número de generaciones que separan al individuo de su antepasado más lejano; (c) el número de generaciones completas equivalentes (GE), calculadas como la suma de  $(1/2)^n$  donde n es el número de generaciones que separan al individuo de cada ancestro conocido (Perdomo-González *et al.*, 2020; Poyato-Bonilla *et al.*, 2020; Sieklicki *et al.*, 2020), y (d) el porcentaje de ancestros conocidos, expresado como una medida importante de la calidad de las estimaciones de consanguinidad del pedigrí, ya que representa una media armónica de las contribuciones genéticas de los padres y es igual a cero si se desconoce alguno de los padres, independientemente de cuán profundo y completo sea el pedigrí del otro padre (Núñez-Domínguez *et al.*, 2020).

### Intervalo Generacional

El intervalo generacional, definido como la edad promedio de los padres al nacimiento de su progenie reproductora, se calcula para

las cuatro vías (padre-hijo, padre-hija, madre-hijo y madre-hija) (Ramírez-Valverde *et al.*, 2018; Giontella *et al.*, 2019; Perdomo-González *et al.*, 2020).

### Parámetros Genealógicos

Los parámetros genealógicos estudiados fueron:

- a) La consanguinidad individual ( $F_i$ ) de Wright, definida como la probabilidad de que un individuo tenga dos alelos idénticos por descendencia, calculado por método tabular (Comparini *et al.*, 2019; Giontella *et al.*, 2019; Perdomo-González *et al.*, 2020);
- b) El coeficiente de parentesco promedio (AR), definido como la probabilidad de que un alelo elegido aleatoriamente de toda la población pertenezca a un animal dado (Sheikhlou y Abbasi, 2016; Ramírez-Valverde *et al.*, 2018; Giontella *et al.*, 2019). Este parámetro expresa cómo un individuo o un grupo de individuos representa a la población (Gómez, 2016). En los fundadores los valores de AR muestran su contribución genética a todo el pedigrí (Giontella *et al.*, 2019);
- c) El incremento de consanguinidad, definido como el cambio en el coeficiente de consanguinidad de una generación a otra (Vostrá-Vydrová *et al.*, 2016). Se puede considerar el uso del incremento de consanguinidad como una medida alternativa de consanguinidad ajustada a la profundidad del pedigrí del individuo, permitiendo distinguir entre dos animales con el mismo coeficiente de consanguinidad, pero con diferencias en el número de generaciones en las que ha aparecido este nivel de consanguinidad (Gómez *et al.*, 2009). Dentro de este parámetro se calculó:
  - c.1) El incremento de consanguinidad individual ( $\Delta F_i$ ) computado como  $\Delta F_i = 1 - \frac{GE}{\sqrt{1 - F_i}}$  donde  $F_i$  es el coeficiente individual de consanguinidad y GE el número de generaciones completas equivalentes (Kasarda *et al.*, 2019; Núñez-Domínguez *et al.*, 2020; Sieklicki *et al.*, 2020),

- c.2) Incremento de consanguinidad por año ( $\Delta F/\text{año}$ ) obtenido mediante la regresión de  $F_i$  con el año de nacimiento (Gómez *et al.*, 2011a, 2013), y
- c.3) incremento de consanguinidad por generación ( $\Delta F/\text{generación}$ ) calculado a partir del ( $\Delta F/\text{año}$ ) multiplicado por el intervalo generacional (Gómez *et al.*, 2011a,b);
- d) El tamaño efectivo de la población ( $N_e$ ), que se define como el número de individuos que tendría una población real para mantener las tasas de consanguinidad que le corresponderían si tuviera la condición ideal desde el punto de vista reproductivo y contribuir de la misma manera a la siguiente generación que daría lugar a la misma tasa de consanguinidad (Ocampo y Cardona, 2013; Giontella *et al.*, 2019; Moura-Baena *et al.*, 2020). Se puede calcular como el inverso del doble del valor medio de los incrementos de consanguinidad individual (Núñez-Domínguez *et al.*, 2020; Sieklicki *et al.*, 2020).
- d) Número efectivo de ancestros ( $f_a$ ). Es el número mínimo de antepasados, no necesariamente fundadores, que explica toda la diversidad genética de una población (Sheikhlou y Abbasi, 2016; Ramírez-Valverde *et al.*, 2018; Giontella *et al.*, 2019). Este parámetro complementa el  $f_a$ , entendiéndose que cuando  $f_a$  es menor que  $f_e$  (relación  $f_e/f_a > 1$ ) indica que se produjo un cuello de botella por el uso desequilibrado de reproductores (Giontella *et al.*, 2019; Silva-Faria *et al.*, 2021);
- e) Los equivalentes del genoma fundador ( $f_g$ ). Representa el número de fundadores que se esperaría que produjeran la misma diversidad genética en la población estudiada si los fundadores están igualmente representados y no se produce ninguna pérdida de alelos (Sheikhlou y Abbasi, 2016; Ramírez-Valverde *et al.*, 2018; Giontella *et al.*, 2019). La relación  $f_g/f_e$  indica si la población analizada está afectada por la deriva genética (Giontella *et al.*, 2019).

### Probabilidad de Origen de los Genes

Se obtuvieron los valores de:

- a) Número de fundadores, definido como el número de individuos con padre y madre desconocidos. Cuando solo tiene uno de los padres desconocidos se considera fundador fantasma;
- b) Número de ancestros, definido como aquellos individuos que han influido más que sus ascendientes en la variabilidad genética presente en la población. También se puede tomar en cuenta a un ancestro como un fundador (Cervantes *et al.*, 2009);
- c) Número efectivo de fundadores ( $f_e$ ). Es el número de fundadores igualmente contribuyentes que se espera que produzcan la misma diversidad genética de la población estudiada. Se calcula utilizando los coeficientes AR de los individuos fundadores (Sheikhlou y Abbasi, 2016; Giontella *et al.*, 2019; Perdomo-González *et al.*, 2020);

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Estructura del Pedigrí

El registro anual en el CPP en Ecuador entre 1985 y 2018 fue de  $143.2 \pm 55.7$  animales, con un máximo de registros de 233 animales en 2005. En el Cuadro 1 se muestra una descripción general de la población total (PT) que incluyó los ancestros peruanos y registrados en la ANPCPP, las subpoblaciones de animales nacidos y registrados en Ecuador (PE) y la población de referencia en la que se tomó en cuenta los animales nacidos y registrados entre 2008 y 2018 en Ecuador (PR) por la ANECPCP.

Se observó una mayor población de hembras registradas en las tres poblaciones (59.50, 55.63 y 53.28%, respectivamente) de un total de 8330, 4870 y 1950 animales respectivamente, similar a la distribución que in-

Cuadro 1. Estructura del pedigrí de las poblaciones de caballos peruanos de paso en el estudio

Parámetro	PT	PE	PR
Total de animales (n)	8,330	4,870	1,950
Machos (%)	40.50	44.37	46.72
Hembras (%)	59.50	55.63	53.28
Animales con padres desconocidos (n)	568	38	0
Con ambos padres desconocidos (n)	420	6	0
Con uno de los padres desconocido (n)	148	32	0
Animales sin progenie (n)	3,576	3,129	1,632
Machos (n)	1,962	1,719	831
Hembras (n)	1,614	1,410	801
Tamaño familiar ( $\bar{x} \pm DE$ )	3.30±6.59	4.17±6.09	2.34±3.02
Por machos ( $\bar{x} \pm DE$ )	5.58±11.35	7.35±10.76	4.00±5.40
Por hembras ( $\bar{x} \pm DE$ )	2.33±2.04	3.08±2.38	1.79±1.07

PT=Población total analizada; PE=Población registrada en Ecuador; PR=Población de referencia; DE=Desviación estándar

forman otros estudios (Montenegro *et al.*, 2018; Perdomo-González *et al.*, 2020; Poyato-Bonilla, *et al.*, 2020). Esto podría explicarse por los mayores costos que implica la cría de un semental sobre las yeguas; las particularidades de los requisitos de manejo de los sementales, por ejemplo, áreas más grandes sin contacto directo con otros machos; y el mayor cuidado en el manejo por un comportamiento más temperamental que las yeguas (Bussiman *et al.*, 2018). Por otro lado, en el Cuadro 1 se observa que los machos en la PT, PE y PR poseen un mayor promedio en el número de crías (5.58±11.35, 7.35±10.76 y 4.00±5.40, respectivamente) sobre las hembras (2.33±2.04, 3.08±2.38 y 1.79±1.07, respectivamente).

El alto número de animales registrados sin progenie es el resultado de criterios de selección de los criadores, donde algunos animales son todavía jóvenes y aún no entran

en la etapa reproductiva, en tanto que algunos machos son castrados o las crías de estos no son registradas por no cumplir con los estándares ideales para exhibición. Es así que, el tamaño familiar promedio de la PR es inferior a los caballos de raza Mangalarga con 22.29 para machos y 4.69 para hembras (Moura-Baena *et al.*, 2020).

### Complejidad del Pedigrí

El nivel de completitud del pedigrí, referido como un indicador de calidad del pedigrí (Duru, 2017) se muestra en el Cuadro 2. El número máximo de generaciones trazadas en la PE (11.14 ± 2.23) fue mayor en comparación a las poblaciones totales registradas de Maremmano con 10.5 (Giontella *et al.*, 2018), Hispano-Árabe con 1.14 (Gómez, 2016) y CPP en Perú con 9.73 (Montenegro *et al.*, 2018). Por otro lado, este valor fue similar a la población de animales vivos de la raza

Cuadro 2. Nivel de completitud del pedigrí de las poblaciones de ejemplares de Caballo Peruano de Paso

Ítem	PT	PE	PR
Número máximo de generaciones trazadas ( $\bar{x} \pm DE$ )	9.18 $\pm$ 3.89	11.14 $\pm$ 2.23	12.83 $\pm$ 1.42
Número máximo de generaciones completas ( $\bar{x} \pm DE$ )	3.36 $\pm$ 1.56	4.01 $\pm$ 1.16	4.62 $\pm$ 0.90
Número máximo de generaciones completas equivalentes ( $\bar{x} \pm DE$ )	5.41 $\pm$ 2.21	6.52 $\pm$ 1.24	7.47 $\pm$ 0.67
Porcentaje de ancestros conocidos:			
Primera generación (padres), %	94.07	99.55	100.00
Segunda generación, %	89.74	98.60	99.92
Tercera generación, %	84.61	97.24	99.71
Cuarta generación, %	77.70	94.03	98.87
Quinta generación, %	68.15	87.39	96.46

PT=Población total analizada; PE=Población registrada en Ecuador; PR=Población de referencia; DE = Desviación estándar

Maremmano con 11.6 (Giontella *et al.*, 2019) e inferior a los resultados analizados en Anglo-Árabe de Cerdeña con 13.09 (Giontella *et al.*, 2020) y Criollo brasilero con 12.09 (Maciel *et al.*, 2014).

Al analizar la PE, se encontró que el promedio del número máximo de generaciones completas fue mayor a los promedios de las poblaciones de caballos Criollo brasilero con 1.85 (Maciel *et al.*, 2014), Maremmano con 3.3 en la población de animales registrados y 3.80 en la población de animales vivos (Giontella *et al.*, 2019) y CPP registrado en Perú con 3.10 (Montenegro *et al.*, 2018), pero similar al Anglo-Árabe de Cerdeña con 4.00 (Giontella *et al.*, 2020) e inferior al Hucul, Lipizzano y Shagya árabe con 17.54, 24.56 y 34.82 respectivamente (Pjontek *et al.*, 2012). Asimismo, el promedio de PE para el número de generaciones completas equivalentes fue mayor sobre la población de animales de

raza Campolina con 2.98 (Bussiman *et al.*, 2018), Criollo brasilero con 4.62 (Maciel *et al.*, 2014) y CPP registrado en Perú con 4.91 (Montenegro *et al.*, 2018), pero inferior a la población de Anglo-Árabe de Cerdeña con 7.30 (Giontella *et al.*, 2020).

Considerando la PR con intervalo generacional entre 2008 y 2018 de CPP registrados en Ecuador, el número máximo de generaciones trazadas fue mayor sobre la población de referencia de animales vivos de la raza Maremmano (Giontella *et al.*, 2019) con 11.60, población de los animales nacidos en los últimos 10 años de Hispano-Árabe con 2.63 (Gómez, 2016), similar a la población de referencia de Norik of Muran de 25 animales con análisis genotípico (Kasarda *et al.*, 2019) con 12.67 e inferior a las poblaciones de referencia del caballo Árabe Turco con 12.20 (Duru, 2017) y Pura Raza Español con 18.80 (Perdomo-González *et al.*, 2020).

El número máximo de generaciones completas de la PR es mayor sobre la población de referencia de animales vivos de la raza Maremmmano (Giontella *et al.*, 2019) con 3.80, población de animales nacidos en el último decenio de la investigación de Hispano-Arabe con 1.14 (Gómez, 2016), población de referencia de Norik of Muran con análisis genotípico (Kasarda *et al.*, 2019) con 2.75, e inferior a las poblaciones de referencia del caballo Árabe Turco con 5.40 (Duru, 2017) y del Pura Raza Español con 6.20 (Perdomo-González *et al.*, 2020). Para el número máximo de generaciones equivalentes, la PR es superior a la población de referencia de animales vivos de la raza Maremmmano (Giontella *et al.*, 2019) con 6.40, similar al caballo Árabe Turco con 7.80 (Duru, 2017) e inferior al Pura Raza Español con 10.40 (Perdomo-González *et al.*, 2020).

El grado de calidad de la información del pedigrí tiene un impacto en el coeficiente de consanguinidad promedio (Duru, 2017), por lo que el mejor criterio para evaluar la información genealógica es el número equivalente de generaciones, el mismo que influye en el cálculo del  $\Delta Fi$  y de  $N_e$  (Pjontek *et al.*, 2012). La PT de CPP presentó un porcentaje de ancestros conocidos superior al 90% del pedigrí solo en la primera generación (94.05%), mientras que, los registros de la PE alcanzan el 99.55% en la primera generación disminuyendo gradualmente y en la PR se observa el máximo de 100% en la primera generación para disminuir paulatinamente hasta 96.46% en la quinta generación (Cuadro 2)

Se ha encontrado que algunas razas de caballos poseen resultados similares del presente estudio con el CPP; esto es, tomando como referencia el 90% de completitud del pedigrí, en la población de caballos Standarbreed hasta la décima generación (MacCluer *et al.*, 1983), hasta la octava generación en el Árabe Turco (Duru, 2017), en el Pura Raza Español hasta la séptima generación (Perdomo-González *et al.*, 2020), igual número de generaciones en la población de

referencia de los animales vivos del Maremmmano, y en la población de animales registrados oficialmente de esta raza hasta la tercera generación (Giontella *et al.*, 2019), hasta la quinta generación en Pantaneiro (McManus *et al.*, 2013) y hasta la segunda generación en el Campolina (Bussiman *et al.*, 2018).

El aumento de la completitud del pedigrí en la PE y PR sugiere una mejora en la calidad de la información genealógica que lleva la ANECPCP hasta la fecha, manejando un libro genealógico cerrado. También se pueden atribuir estos valores de completitud al número de generaciones que cuenta el registro (Cervantes *et al.*, 2008). No obstante, en los pedigrís con una gran profundidad y alta completitud, el aumento de su profundidad tiene poco impacto en la Fi (Perdomo-González *et al.*, 2020).

### Intervalo Generacional

Las líneas paternas para PT, PE y PR tienen mayor intervalo generacional sobre las líneas maternas, siendo los valores medios para intervalo generacional de  $8.72 \pm 4.56$ ,  $8.79 \pm 4.30$ , y  $9.20 \pm 4.61$  años para PT, PE y PR respectivamente (Cuadro 3). En comparación con otras poblaciones estudiadas, el intervalo generacional de la PR es superior con la población de caballos Campolina con intervalo de 9 años (Bussiman *et al.*, 2018) y Pantaneiro con 8.2 (McManus *et al.*, 2013) y las tres poblaciones estudiadas son inferiores a los intervalos generacionales reportados en caballos árabes turcos con 12.4 (Duru, 2017), en Criollos brasileros con 10.3 (Maciel *et al.*, 2014), en la población total de caballos Mangalarga y su población de referencia con 10.43 y 9.48 años, respectivamente (Moura-Baena *et al.*, 2020) y en el Caballo de Carretera Japonés con 10.50-11.50 (Yamashita *et al.*, 2010).

Por lo general, los intervalos generacionales en el caballo son largos (Pjontek *et al.*, 2012); sin embargo, los valores más bajos del presente estudio pueden estar ligado a



Cuadro 3. Intervalo generacional (años) de las poblaciones de Caballo Peruano de Paso

Tipo de relación	PT	PE	PR
Padre-hijo ( $\bar{x} \pm DE$ )	9.32 $\pm$ 5.01	9.37 $\pm$ 4.93	9.44 $\pm$ 5.07
Padre-hija ( $\bar{x} \pm DE$ )	8.89 $\pm$ 4.70	9.10 $\pm$ 4.45	9.57 $\pm$ 4.96
Madre-hijo ( $\bar{x} \pm DE$ )	8.50 $\pm$ 4.25	8.41 $\pm$ 3.87	8.99 $\pm$ 4.03
Madre-hija ( $\bar{x} \pm DE$ )	8.37 $\pm$ 4.31	8.41 $\pm$ 4.01	8.82 $\pm$ 4.26
Promedio ( $\bar{x} \pm DE$ )	8.72 $\pm$ 4.56	8.79 $\pm$ 4.30	9.20 $\pm$ 4.61

PT=Población total analizada; PE=Población registrada en Ecuador; PR=Población de referencia; DE = Desviación estándar

que muchos criadores los utilizan como reproductores a temprana edad (2 años), lo cual disminuye el intervalo generacional promedio (Bussiman *et al.*, 2018); por otro lado, el mayor intervalo generacional en otras razas puede deberse al riguroso control que pasan para calificar su conformación y aires básicos, lo que retrasa el inicio de la vida reproductiva (Gómez, 2016).

### Parámetros Genealógicos

El nivel de consanguinidad ( $F_i$ ), el nivel de parentesco (AR) entre cada individuo y su población y el incremento de consanguinidad individual ( $\Delta F_i$ ) promedio para PT, PE y PR se muestran en el Cuadro 4. El tamaño efectivo de la población ( $N_e$ ) calculado con el  $\Delta F_i$  indica que la PT (46.81) es similar a la PE (46.73) y ambos superiores a la PR (43.86) (Cuadro 4).

La  $F_i$  promedio para el CPP en la PT y PE son superiores a los reportados en Campolina con 2.45% (Bussiman *et al.*, 2018), Criollo brasileiro con 0.88% (Maciel *et al.*, 2014), y Mangalarga con 1.02% (Moura-Baena *et al.*, 2020), e inferiores a los promedios indicados en las razas Árabe Español con 7% (Cervantes *et al.*, 2008), Lusitano con 9.92% (Vicente *et al.*, 2012) y Kladraver

con 13% (Vostra *et al.*, 2016). La consanguinidad media para la PR es superior al valor encontrado en las poblaciones de referencia de caballos árabes turcos con 4.8% (Duru, 2017), Mangalarga con 1.1% (Moura-Baena *et al.*, 2020) y Pura Raza Español con 7.51% (Perdomo-González *et al.*, 2020), e inferior a las poblaciones de referencia del caballo Árabe Español con 9.8% (Cervantes *et al.*, 2008) y Lusitano con 11.34% (Vicente *et al.*, 2012).

Los programas de reproducción modernos conducen a un rápido progreso genético, pero también conducen a la acumulación de  $F_i$  y la disminución de la diversidad genética, situación que preocupa en diferentes especies de animales domésticos en los últimos años (Sheikhlou y Abbasi, 2016). Dependiendo de los criterios de selección practicados en determinadas razas de caballos, podría provocar un aumento en la frecuencia de genotipos homocigotos para alelos realmente favorables, permitiendo estimar los efectos positivos de la consanguinidad sobre los rasgos morfológicos (Bussiman *et al.*, 2018) y al mismo tiempo, en términos de cambiar su estructura genética a favor de los homocigotos, resultará en una pérdida de diversidad genética, lo que puede afectar la aptitud de la población (Pjontek *et al.*, 2012).

Cuadro 4. Valores de los principales parámetros de endogamia en el Caballo de Paso ecuatoriano

Tipo de relación	PT	PE	PR
Consanguinidad (Fi), %	5.97	6.83	8.11
Parentesco (AR), %	9.02	10.56	11.65
Incremento individual de consanguinidad ( $\Delta Fi$ ), %	1.07	1.07	1.14
Incremento de consanguinidad por año, %	0.13	0.17	0.11
Incremento de consanguinidad por generación, %	1.13	1.49	1.01
Ne de la población obtenido del incremento individual de consanguinidad	46.81	46.73	43.86

PT=Población total analizada; PE=Población registrada en Ecuador; PR=Población de referencia; Ne=Tamaño efectivo de la población

El promedio de AR para el CPP en la PT y PE son superiores a los reportados en animales Anglo-Árabe de Cerdeña con 2.48% (Giontella *et al.*, 2020), Maremmano con registro con 5.52% (Giontella *et al.*, 2019) y Criollo brasilero con 0.65% (Maciel *et al.*, 2013). La PE posee un AR similar al Hucul húngaro con 10.39% (Somogyvári *et al.*, 2018), y la PT es inferior a los promedios indicados a la población de Hucul eslovaco con 9.34% (Pjontek *et al.*, 2012) y de Kladruber con 21% (Vostra *et al.*, 2016). El parentesco medio para la PR estudiada es superior al valor encontrado en las poblaciones de referencia de caballos árabes turcos con 9.5% (Duru, 2017), población de animales vivos en Maremmano con 6.13% (Giontella *et al.*, 2019) e Hispano-Árabe con 0.17% (Gómez, 2016), similar al Pura Raza Español con 11.31% (Perdomo-González *et al.*, 2020) e inferior a las poblaciones de referencia del caballo Lusitano con 13.54% (Vicente *et al.*, 2012).

La Fi de las poblaciones de referencia es mayor que la mayoría de poblaciones totales analizadas en todas las razas de este estudio e inclusive en otras especies de animales domésticos y la misma tendencia se observa con el AR, por lo que se asume que

el CPP, al ser una población pequeña, está representada por una mayor cantidad de individuos con niveles altos de Fi y de AR en comparación con la PT, ya que esta última involucra mayor cantidad de individuos, incluyendo fundadores y otros que tienen una Fi bajo o igual a cero.

Los promedios de  $\Delta Fi$  de las tres poblaciones analizadas de CPP son superiores a los reportados en poblaciones de Maremmano con 0.21% (Giontella *et al.*, 2019), donde solo el Hucul eslovaco con 1.06 (Pjontek *et al.*, 2012) posee medias similares a la PT y PE e inferior a la PR. El Ne obtenido por incremento de consanguinidad en las poblaciones analizadas es superior a la población de caballos Pantaneiros con 25.8 (McManus *et al.*, 2013) e inferior a otras poblaciones de caballos analizadas como Anglo-Árabe de Cerdeña con 196.32 (Giontella *et al.*, 2020), Campolina con 93 (Bussiman *et al.*, 2018) y Criollo brasilero con 98.94 (Maciel *et al.*, 2013).

La importancia del  $\Delta Fi$  como indicador de Fi radica en que dos individuos pueden tener el mismo nivel de Fi, pero derivan de diferente número de generaciones y pueden expresar diferente depresión endogámica

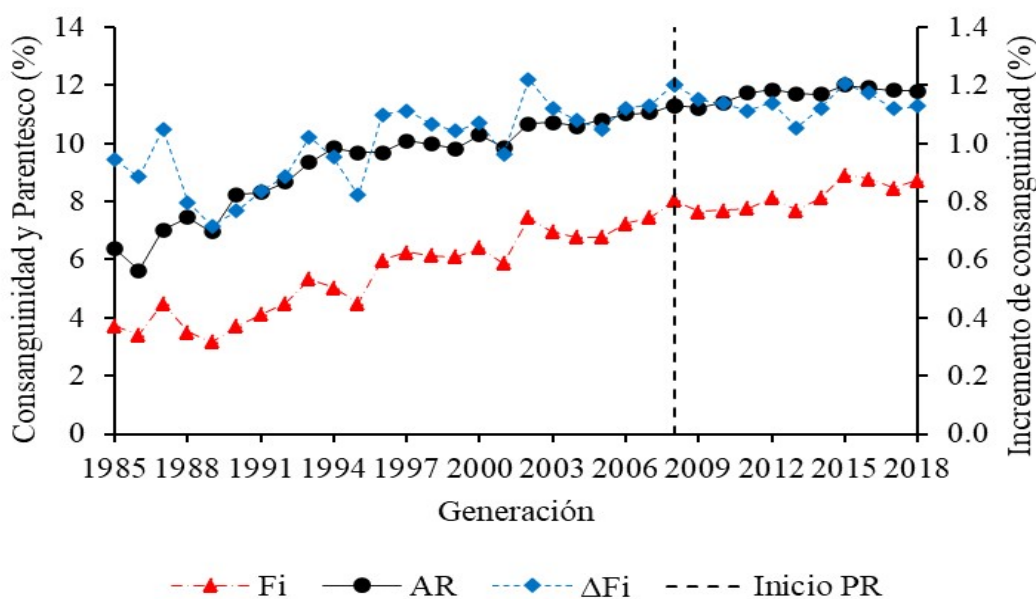


Figura 1. Variación anual del promedio de consanguinidad ( $F_i$ ), parentesco (AR) e incremento de consanguinidad individual ( $\Delta F_i$ ) de la población registrada del Caballo Peruano de Paso en Ecuador y de su población de referencia (2008-2018).

(Domínguez *et al.*, 2014); por lo que es considerado uno de los principales parámetros del seguimiento de la diversidad genética (Vostrá-Vydrová *et al.*, 2016). La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) recomienda restringir el  $\Delta F_i$  por debajo del 1%, y mejor aún por debajo del 0.5% (Krupa *et al.*, 2015). Por otro lado, los valores de  $N_e$ , derivados de  $\Delta F_i$ , no deben ser inferiores de 50 individuos (Vostrá-Vydrová *et al.*, 2016; Silva-Faria *et al.*, 2021), lo que resultaría en una rápida fijación de genes recesivos deletéreos (Hartfield y Glémin, 2014). Es así que para evitar la depresión por endogamia a corto plazo se sugiere un valor mínimo de  $N_e$  superior a 50, pero en el largo plazo se debe monitorear poblaciones aún más grandes para evitar la depresión endogámica en los rasgos de aptitud, reproducción y supervivencia (Bussiman *et al.*, 2018).

Los niveles altos de  $F_i$ , AR,  $\Delta F_i$  y los valores bajos de  $N_e$  indican la pérdida de variabilidad genética y la posible expresión fenotípica de defectos genéticos (Pjontek *et al.*, 2012) e incluso una población con un  $N_e$  bajo tiene una mayor probabilidad de extinción (Duru, 2017). Algunos estudios revelaron que poblaciones cerradas, con múltiples generaciones de intensa selección direccional y alto éxito reproductivo por el uso de tecnologías reproductivas avanzadas, tienden a acumular endogamia y perder variabilidad genética (Perdomo-González *et al.*, 2020).

La variación de los niveles de  $F_i$  y AR desde el inicio en el registro genealógico de la ANECPCP hasta 2018 y de los animales considerados dentro de la población de referencia que arranca desde 2008 tiende a un ligero incremento con el tiempo (Figura 1). Sin embargo, el nivel de  $F_i$  en la PE alcanza a

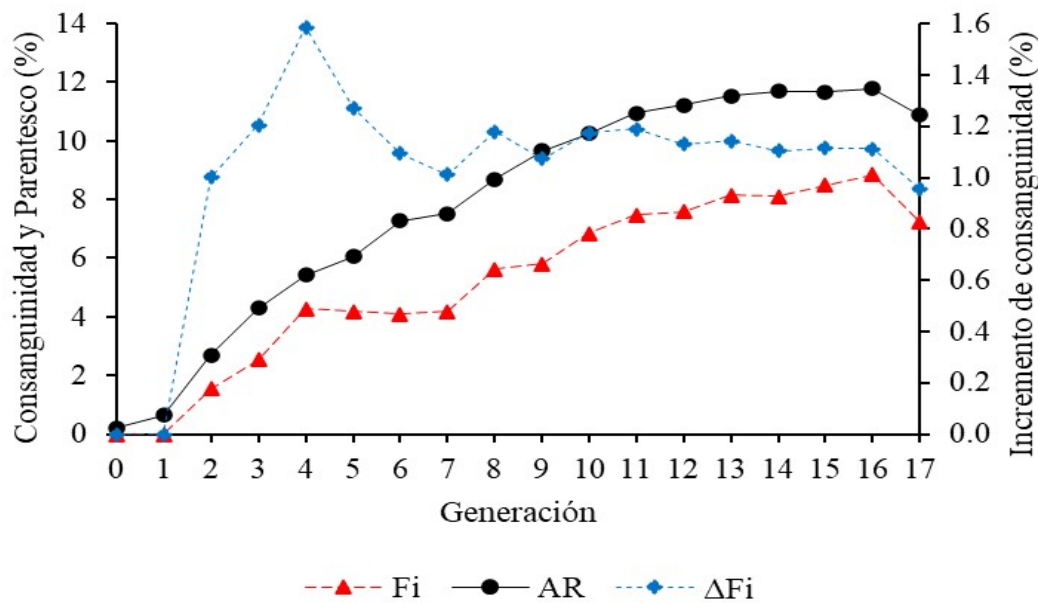


Figura 2. Variación generacional de la consanguinidad ( $F_i$ ), parentesco (AR) e incremento de consanguinidad individual ( $\Delta F_i$ ) de la población total del Caballo Peruano de Paso en Ecuador

su máximo histórico en 2015 con 8.91%, con una baja en 2017 e incremento en 2018. Comportamiento donde se puede ver que el incremento de consanguinidad llega a su máximo histórico de 1.22% en 2014, mientras que el nivel de parentesco llega a su valor más alto en 2015 con 12.02% y disminuye gradualmente hasta 11.81% en 2018.

El 58.86% de los animales de la PT tienen una  $F_i < 6.25\%$ , seguido por el 30.47% de los animales con  $F_i$  entre 6.25 y 12.5%. Similares proporciones de frecuencias se encontró en la PE con 51.56 y 38.13% para  $F_i < 6.25\%$  y entre 6.25 y 12.5%, respectivamente; en el caso de la PR son más representativos con el 54.36% los animales con  $F_i$  entre 6.25 y 12.5%, seguidos por el 34.05% de animales con  $F_i < 6.25\%$ .

A nivel generacional, se observa en la PT que tanto el nivel de consanguinidad como de parentesco se incrementan paulatinamente

te a través de cada generación, hasta alcanzar los valores máximos en la décima sexta generación con 8.85 y 11.78% respectivamente (Figura 2). El  $\Delta F_i$  tuvo un comportamiento irregular hasta la onceava generación, donde se estabiliza y empieza a descender paulatinamente. No obstante, en la décima séptima generación se puede ver un notable descenso para los tres parámetros con 7.22% de  $F_i$ , 10.88% de AR y 0.96% de  $\Delta F_i$  (Figura 2).

### Probabilidades de Origen de los Genes

En el Cuadro 5 se observa que el número de fundadores para PT, PE y PR es de 568, 550 y 477 y el número de ancestros es de 488, 409 y 323, respectivamente. Si bien el CPP es una raza nueva, se debe considerar que solo se está analizando la población de CPP que dieron origen a los animales registrados en Ecuador, por lo que no se puede concluir en comparación con el total de raza y se debe tomar en cuenta la profundidad de

Cuadro 5. Análisis de las probabilidades del origen de los genes de las poblaciones del Caballo Peruano de Paso registrado en Ecuador

Ítem	PT	PE	PR
Número de animales	8330	4870	1950
Número de fundadores	568	550	477
Número de ancestros	488	409	323
Número efectivo de fundadores (fe)	24	21	19
Número efectivo de ancestros (fa)	16	14	11
Número efectivo de genomas fundadores (equivalentes fundadores) (fg)	11.09	8.03	6.38
Relación fe/fa	1.50	1.50	1.73
Relación fg/fe	0.46	0.38	0.34
Número de ancestros contribuyentes al 50% de la variabilidad genética	9	6	5

PT=Población total analizada; PE=Población registrada en Ecuador; PR=Población de referencia

pedigrí de los animales analizados, el tiempo transcurrido del libro genealógico y la calidad del registro de los datos genealógicos (Cervantes *et al.*, 2008). Al relacionar el número efectivo de fundadores (fe) con el número efectivo de ancestros (fa) se obtuvieron valores de 1.50 para la PT y PE y de 1.73 en la PR, lo que indica que se presentó un efecto de cuello de botella en las tres poblaciones. De la misma forma, al relacionar el número efectivo de genomas fundadores (fg) con el fe, se encontraron valores de 0.46, 0.38 y 0.34 para la PT, PE y PR, respectivamente; lo que indica, que hay pérdida de variabilidad genética por deriva genética.

El valor fe en la PT es inferior a los reportados las poblaciones totales de caballos Mangalarga con 1062 (Moura-Baena *et al.*, 2020), Campolina con 83.13 (Bussiman *et al.*, 2018) y Criollo brasileiro con 62 (Maciel *et al.*, 2013), y superior solo en Hucul húngaro con 23 (Somogyvári *et al.*, 2018). La PE es inferior a todos los mencionados anteriormente, en tanto que la PR es inferior a las poblaciones de referencia de Mangalarga con

225 (Moura-Baena *et al.*, 2020), Pura Raza Español con 33 (Perdomo-González *et al.*, 2020), y Lusitano con 27.47 (Vicente *et al.*, 2012).

La fa en la PT y PE son inferiores a los valores indicados en Mangalarga con 1038 (Moura-Baena *et al.*, 2020), Campolina con 55.01 (Bussiman *et al.*, 2018), y Criollo brasileiro con 45 (Maciel *et al.*, 2013). La PT es similar al Hucul con 16 (Pjontek *et al.*, 2012). Por otro lado, la PT y PE son superiores al Poni deportivo eslovaco con 7 (Pjontek *et al.*, 2012). La PR es inferior a las poblaciones de referencia de Mangalarga con 198 (Moura-Baena *et al.*, 2020), Pura Raza Español con 19 (Perdomo-González *et al.*, 2020) y Lusitano con 11.73 (Vicente *et al.*, 2012).

Las reducciones de la variabilidad genética pueden ocurrir debido a la contribución desigual de los fundadores, los cuellos de botella y los eventos de deriva (Bussiman *et al.*, 2018). Dado a que esta relación fe/fa en las tres poblaciones del estudio es mayor a 1, el efecto del cuello de botella será mayor

como resultado de una disminución del número de sementales utilizados para el apareamiento a lo largo de las generaciones (Duru, 2017). En el CPP registrado en Ecuador y los padres de estos registrados en Perú, el efecto del cuello de botella se debe a que algunos criadores utilizaron y siguen utilizando para el apareamiento solo sementales que ganaron en las exhibiciones.

El fg para PT y PE son inferiores a los resultados obtenidos en Mangalarga con 150 (Moura-Baena *et al.*, 2020) y Campolina con 46.21 (Bussiman *et al.*, 2018). La PT es superior al Kladruber con 4.78 (Vostrá-Vydrová *et al.*, 2016). La PR es inferior a las poblaciones de referencia de Mangalarga con 133 (Moura-Baena *et al.*, 2020), Lusitano con 6.01 (Vicente *et al.*, 2012) y Hucul húngaro con 5.79 (Somogyvári *et al.*, 2018).

Considerando el número de ancestros que contribuyen al 50% de la variabilidad genética, las tres poblaciones estudiadas son inferiores a las poblaciones de ancestros de la raza Hispano-Árabe con 208 animales (Gómez, 2016), Criollo brasileiro con 41 (Maciel *et al.*, 2013) y Lusitano con 14 (Vicente *et al.*, 2012). En el caso del Hispano-Árabe, Gómez (2016) indica que los valores de los ratios entre los fundadores y los ancestros y el número de ancestros que contribuyen sobre el 50% de la variabilidad, son causados por mantener un libro genealógico abierto y, por lo tanto, la inclusión de nuevos genes resulta directamente en la conservación o aumento de la variabilidad genética de la raza.

## CONCLUSIONES

- A nivel individual de consanguinidad y de relación de parentesco se observa un aumento estable de sus valores desde el inicio del libro genealógico de la ANECPCP hasta 2015, mientras que se presentó un pequeño e irregular descen-

so entre 2015 y 2017; sin embargo, a nivel generacional se observa un marcado descenso en la última generación lo que demuestra que los criadores tomaron conciencia en el manejo de la consanguinidad.

- El incremento de consanguinidad es superior al 1% y el número efectivo de la población menor a 50, contrario a la recomendación de la FAO para la conservación de razas en peligro de extinción.
- La pérdida de diversidad genética por efecto del cuello de botella y la deriva genética, se confirmó con los valores de las relaciones entre el número efectivo de fundadores, número efectivo de ancestros y número efectivo de genomas fundadores.
- Se requiere que los criadores apliquen una adecuada estrategia de manejo que permita diseñar apareamientos entre animales que tengan menor valor de parentesco y ampliar el uso de sementales para aumentar la base genética de selección.

## Agradecimientos

A la Asociación Nacional Ecuatoriana de Criadores y Propietarios de Caballos de Paso (ANECPCP) presidida por León Bjarner Febres-Cordero, a Pedro Varas, director del registro genealógico de la ANECPCP y a Juan Pablo Serrano, por la apertura y conocimientos compartidos para desarrollar la presente investigación.

## LITERATURA CITADA

1. **Axling J. 2015.** Genetics of gaits in Icelandic horses. MSc Thesis. Uppsala, Sweden: Swedish University of Agricultural Sciences. 14 p.
2. **Barrantes C, Macedo O, Rosemberg M, Sarria G 2009.** Estudio de las medidas hipométricas del caballo peruano de paso. Anales Científicos UNALM 70: 58-66

3. **Bussiman FO, Perez BC, Ventura RV, Peioxoto MG, Curi RA, Balieiro JC. 2018.** Pedigree analysis and inbreeding effects over morphological traits in Campolina horse population. *Animal* 12: 2246-2255. doi: 10.1017/S175173111-800023X
4. **Cervantes I, Gutiérrez JP, Molina A, Goyache F, Valera M. 2009.** Genealogical analyses in open populations: the case of three Arab-derived Spanish horse breeds. *J Anim Breed Genet* 126: 335-347. doi: 10.1111/j.1439-0388.2008.00797.x
5. **Cervantes I, Molina A, Goyache F, Gutiérrez JP, Valera M. 2008.** Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis. *Livest Sci* 113: 24-33. doi: 10.1016/j.livsci.2007.02.011
6. **Comparini L, Podestà A, Russo C, Cecchi F. 2019.** Effect of inbreeding on the «Club Foot» disorder in Arabian Pureblood horses reared in Italy. *Open Vet J* 9: 273-280. doi: 10.4314/ovj.v9i3.14
7. **Doekes HP, Veerkamp RF, Bijma P, de Jong G, Hiemstra SJ, Windig JJ. 2019.** Inbreeding depression due to recent and ancient inbreeding in Dutch Holstein-Friesian dairy cattle. *Genet Sel Evol* 51: 54. doi: 10.1186/s12711-019-0497-z
8. **Domínguez J, Rodríguez FA, Ortega JÁ, 2014.** Consanguinidad y estimación de parámetros genéticos para morfología del caballo Lusitano en México. *Arch Zootec* 63: 37-44. doi: 10.4321/S0004-05922014000100004
9. **Duru S. 2017.** Pedigree analysis of the Turkish Arab horse population: structure, inbreeding and genetic variability. *Animal* 11: 1449-1456. doi:10.1017/S175173-111700009X
10. **Giontella A, Sarti FM, Cardinali I, Giovannini S, Cherchi R, Lancioni H, Silvestrelli M, et al. 2020.** Genetic variability and population structure in the Sardinian Anglo-Arab horse. *Animals (Basel)* 10: 1018. doi: 10.3390/ani-10061018
11. **Giontella A, Pieramati C, Silvestrelli M, Sarti FM. 2019.** Analysis of founders and performance test effects on an autochthonous horse population through pedigree analysis: structure, genetic variability and inbreeding. *Animal* 13: 15-24. doi:10.1017/S175173111-8001180
12. **Gómez M. 2016.** Evaluación del esquema de selección de la raza equina Hispano-Árabe. Tesis Doctoral. España: Univ. de Córdoba. 268 p.
13. **Gómez M, León JM, Bermejo L, Camacho A, Miró-Arias M, Barba C, Delgado JV. 2013.** Estudio de los niveles de consanguinidad en la raza ovina Canaria de Pelo. *AICA* 3: 84-87.
14. **Gómez M, Ronquillo J, Delgado JV. 2011a.** Comportamiento de los niveles de consanguinidad en la raza equina Hispano-Árabe. *AICA* 1: 98-101.
15. **Gómez M, León JM, Delgado JV. 2011b.** Análisis demográfico en la raza equina Hispano-Árabe. *Arch Zootec* 60: 341-344. doi: 10.4321/S0004-059220110-00300006
16. **Gómez MD, Valera M, Molina A, Gutiérrez JP, Goyache F. 2009.** Assessment of inbreeding depression for body measurements in Spanish Purebred (Andalusian) horses. *Livest Sci* 122: 149-155. doi: 10.1016/j.livsci.2008.08.007
17. **González A. 2018.** Genes responsables de caracteres de funcionalidad en caballos: MSTN (miostatina) y DMRT3 (ambladura). Tesis Doctoral. España: Univ. Alfonso X El Sabio. 38 p.
18. **Gutiérrez JP, Goyache F. 2005.** A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J Anim Breed Genet* 122: 172-176. doi: 10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x
19. **Hartfield M, Glémin S. 2014.** Hitchhiking of deleterious alleles and the cost of adaptation in partially selfing species. *Genetics* 196: 281-293. doi: 10.1534/genetics.113.158196



20. **Howard JT, Pryce JE, Baes C, Maltecca C. 2017.** Inbreeding in the genomics era: inbreeding, inbreeding depression, and management of genomic variability. *J Dairy Sci* 100: 6009-60024. doi: 10.3168/jds.2017-12787
21. **Kalashnikov V, Khrabrova L, Blohina N, Zaitcev A, Kalashnikova T. 2020.** Dynamics of the inbreeding coefficient and homozygosity in thoroughbred horses in Russia. *Animals* 10: 1217. doi: 10.3390/ani10071217
22. **Kasarda R, Moravèiková N, Kadleèik O, Trakovická A, Halo M, Candrák J. 2019.** Level of inbreeding in Norik of Muran Horse: Pedigree vs. Genomic Data. *Acta Univ Agric Fac Agron* 67: 1457-1463. doi: 10.11118/actaun2019-67061457
23. **Krupa E, Žáková E, Krupová Z. 2015.** Evaluation of inbreeding al genetic variability of five pig breeds in Czech Republic. *Asian Austral J Anim* 28: 25-36. doi: 10.5713/ajas.14.0251
24. **MacCluer JW, Boyce AJ, Dyke B, Weitkamp LR, Pfennig D, Parsons C. 1983.** Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Heredity*. 74: 394-399. doi: 10.1093/oxfordjournals.-jhered.a109824
25. **Maciel FC, Bertoli CD, Braccini-Neto J, Cobuci JÁ, Pavia SR, McManus CM. 2014.** Population structure and genealogical analysis of the Brazilian Crioula Horse. *Anim Genet Resour* 54:1-11. doi: 10.1017/S2078633613000489
26. **McManus C, Santos S, Dallago BS, Paiva S, Martins RF, Neto J, Marques P, Pinto de Abreu U. 2013.** Evaluation of conservation program for the Pantaneiro horse in Brazil. *Rev Bras Zootecn* 42: 404-413. doi: 10.1590/S1516-35982013000600004
27. **Montenegro V, Vilela J.L. Wurzinger M. 2018.** Assessment of generation interval and inbreeding in Peruvian Paso Horse. In: XI World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. New Zealand.
28. **Moura-Baena M, Carvalho-Gervásio I, Bretanha-Rocha RF, Moreira-Procópio A, Silva de Moura R, Conceição-Meirelles SL. 2020.** Population structure and genetic diversity of Mangalarga Marchador horses. *Livest Sci* 239: 104109. doi: 10.1016/j.livsci.-2020.104109
29. **Müller-Unterberg M, Wallmann S, Distl O. 2017.** Effects of inbreeding and other systematic effects on fertility of Black Forest Draught horses in Germany. *Acta Vet Scand* 59: 70. doi: 10.1186/s13028-017-0338-4
30. **Nicodemus MC, Clayton HM. 2003.** Temporal variables of four-beat, stepping gaits of gaited horses. *Appl Anim Behav Sci* 80: 133-142. doi: 10.1016/S0168-1591(02)00219-8
31. **Núñez-Domínguez R, Martínez-Rocha RE, Hidalgo-Moreno JÁ, Ramírez-Valverde R, García-Muñiz JG. 2020.** Romosinuano cattle population structure in Mexico using pedigree analysis. *Rev Colomb Cienc Pecu* 33: 44-59. doi: 10.17533/udea.rccp.v32n4a05
32. **Ocampo GR, Cardona CH. 2013.** La endogamia en la producción animal. *Rev Colomb Cienc Anim* 5: 463-479.
33. **Perdomo-González DI, Sánchez-Guerrero MJ, Molina A, Valera M. 2020.** Genetic structure analysis of the Pura Raza Español horse population through partial inbreeding coefficient estimation. *Animals* 10: 1360. doi: 10.3390/ani10081360
34. **Pjontek J, Kadleèik O, Kasarda R, Horný M. 2012.** Pedigree analysis in four Slovak endangered horse breeds. *Czech J Anim Sci* 57: 54-64.
35. **Poyato-Bonilla J, Perdomo González DI, Sánchez Guerrero MJ, Varona L, Molina A, Casellas J, Valera M. 2020.** Genetic inbreeding depression load for morphological traits and defects in the Pura Raza Española horse. *Genet Sel Evol* 52: 62. doi: 10.1186/s12711-020-00582-2



36. **Promerová M, Andersson LS, Juras R, Penedo MC, Reissmann M, Tozaki T, Bellone R, et al. 2014.** Worldwide frequency distribution of the 'Gait keeper' mutation in the DMRT3 gene. *Anim Genet* 45: 274-282. doi: 10.1111/age.12120
37. **Ramírez-Valverde R, Delgadillo-Zapata AR, Domínguez-Viveros J, Hidalgo-Moreno JÁ, Núñez-Domínguez R, Rodríguez-Almeida FA, Reyes-Quiroz C, et al. 2018.** Análisis de pedigrí en la determinación de la diversidad genética de poblaciones bovinas para carne mexicanas. *Rev Mex Cienc Pecu* 9: 615-635. doi: 10.22319/rmcp.v9i4.4654
38. **Sheikhlou M, Abbasi MA. 2016.** Genetic diversity of Iranian Lori-Bakhtiari sheep assessed by pedigree analysis. *Small Ruminant Res* 141: 99-105. doi: 10.1016/j.smallrumres.2016.07.009
39. **Sieklicki MF, Mulin HA, Pinto LFB, Valloto AA, Pedrosa VB. 2020.** Population structure and inbreeding of Holstein cattle in southern Brazil. *Rev Bras Zootecn* 49: e20190052. doi: 10.37496/rbz4920190052
40. **Silvia Faria RA, Vicente AP, Ospina AM, Silva JA. 2021.** Pedigree analysis of the racing line Quarter Horse: Genetic diversity and most influential ancestors. *Livest Sci* 247: 104484. doi: 10.1016/j.livsci.2021.104484
41. **Somogyvári E, Posta J, Mihók S. 2018.** Genetic analysis of the Hungarian population of endangered Hucul horses. *Czech J Anim Sci* 63: 237-246. doi: 10.17221/54/2017-CJAS
42. **Todd ET, Ho SY, Thomson PC, Ang RA, Velie BD, Hamilton NA. 2018.** Founder-specific inbreeding depression affects racing performance in Thoroughbred horses. *Sci Rep* 8: 6167. doi: 10.1038/s41598-018-24663-x
43. **Vicente AA, Carolino N, Gama LT. 2012.** Genetic diversity in the Lusitano horse breed assessed by pedigree analysis. *Livest Sci* 148: 16-25. doi: 10.1016/j.livsci.2012.05.002
44. **Vostrá-Vydrová H, Vostrý L, Hofmanová B, Krupa E, Zavadilová L. 2016.** Pedigree analysis of the endangered Old Kladruber horse population. *Livest Sci* 185: 17-23. doi: 10.1016/j.livsci.2016.01.001
45. **Wutke S, Andersson L, Benecke N, Sandoval-Castellanos E, Gonzalez J, Hallsson JH, Löugas L, et al. 2016.** The origin of ambling horses. *Curr Biol* 26: R697-R699. doi: 10.1016/j.cub.2016-07.001
46. **Yamashita J, Oki H, Hasegawa T, Honda T, Nomura T. 2010.** Demographic analysis of breeding structure in Japanese Thoroughbred population. *J Equine Sci* 21: 11-16. doi: 10.1294/jes.21.11