**VARIABILIDAD GENÉTICA DE LA RAZA CRIOLLA LECHERO TROPICAL ESTIMADA A PARTIR DE INFORMACIÓN GENEALÓGICA**

ROSENDO PONCE A1\*, ROSALES MARTÍNEZ F1, TORRES HERNÁNDEZ G1, RAMÍREZ VALVERDE R2, BECERRIL PÉREZ CM1a

1Colegio de Postgraduados, México

2Universidad Autónoma Chapingo, México

a [color@colpos.mx](mailto:color@colpos.mx)

**RESUMEN**

**Antecedentes:** la variabilidad genética de las poblaciones es esencial para su conservación y mejora genética, y el análisis de genealogía es útil para estimarla. **Objetivo:** determinar la variabilidad genética y los niveles de consanguinidad en la raza criolla Lechero Tropical (LT). **Métodos:** el estudio analizó la genealogía de la raza criolla LT con el programa ENDOG v4.8. Se utilizaron 3427 registros de animales LT nacidos entre 1945 y 2013, y de 608 nacidos entre 1950 y 2013. Se definieron dos poblaciones, una que incluye todos los animales registrados (PLT) y otra solamente con los animales provenientes del núcleo genético (PCP). **Resultados:** en la PLT y PCP se estimaron animales fundadores 890, 114; ancestros 855, 102; número efectivo de fundadores 111, 43; número efectivo de ancestros 72, 26, y tamaño efectivo de población 68.1, 64.6, respectivamente. Para la categoría más alta de índice de integridad genética, los coeficientes de consanguinidad fueron 4.32 y 3.48%; y el coeficiente medio de relación global fue 1.19 y 5.55 para PLT y PCP, respectivamente. La profundidad de la genealogía en ambas poblaciones fue superficial con generaciones completas equivalentes de 2.00 y 3.53. Los intervalos generacionales globales fueron cercanos a siete años. **Conclusiones:** la población LT no se encuentra en riesgo de extinción y puede continuar con sus programas de mejora genética en producción de leche y difusión en las unidades de producción tropical.

**Palabras clave:** pedigrí, climas cálidos, mejora, genes, poblaciones.