
MiPob - un programa de ayuda a la docencia en Mejora Genética Animal

Leo Alfonso (leo.alfonso@unavarra.es)
Escuela Técnica Superior de Ingenieros Agrónomos
Universidad Pública de Navarra

Marzo 2014

1 - Objetivo del programa

2 - Fundamentos del programa

3 – Funcionamiento

- 3.1 - Crear un rebaño
- 3.2 - Escoger los futuros reproductores y decidir cómo aparearlos
- 3.3 - Simular los animales de la siguiente generación
- 3.4 - Consultar en que generación nos encontramos
- 3.5 - Evaluar los cambios producidos en la población

4 - Bases teóricas

- 4.1 - Parámetros simulación
- 4.2 - Simulación valores genéticos y fenotípicos
- 4.3 - Predicción del valor genético
- 4.4– Cálculo del tamaño efectivo de población

5 - Solución de problemas

6 - Versiones

1 - Objetivo del programa

MiPob pretende ayudar a entender el interés, las limitaciones y las consecuencias de seleccionar una población animal de censo reducido como estrategia de mejora genética.

A través de la simulación de una población y la toma de decisiones, por parte del usuario, de cómo aparear los animales, se pretende ayudar a entender qué es la deriva genética, la consanguinidad, el parentesco entre animales, la depresión consanguínea de las producciones, el valor genético de los animales, la precisión de esos valores genéticos predichos, los apareamientos dirigidos, la respuesta genética a la selección, la relación existente entre progreso genético y aumento de la homocigosis, etc.

Este programa se ha inspirado en el programa "Cowgame¹" del Departamento de Ciencia Animal de la Oklahoma State University, recogiendo la idea que se indicaba en su Manual de utilización, allá por 1988: *"....creímos que el estudiante tendría una mayor comprensión del proceso de selección si él o ella eran directamente responsables del funcionamiento de su rebaño en la simulación"*. Dicho de otra forma el programa quiere seguir de alguna forma el proverbio (creo que de Confucio): *"Lo que oigo, olvido; lo que veo, recuerdo; lo que hago, aprendo"*, y como no podemos esperar veinte años para ver que ocurre en nuestro rebaño, jugamos simulándolo.

¹ Buchanan, D.S., Burdit, L.G., Willham, R.L. (1988) COWGAME: A Beef Cattle Selection Simulation Program, J. Hered., 79(3):215.

2 - Fundamentos del programa

El programa toma como ejemplo un rebaño de vacuno de carne con las siguientes características:

1 - Inicialmente está formado por 5 machos y 50 hembras². El número de hembras debe mantenerse constante a lo largo de las generaciones, pero el número de machos se puede reducir a un mínimo de 2.

2 - La población es genéticamente singular frente a otras poblaciones de vacuno por ser portadora de 5 alelos singulares, en 5 *loci*³, con distintas frecuencias, por defecto cuatro de ellos presentes en baja frecuencia (0.05) y otro a frecuencia intermedia (0.5).

3 - El objetivo productivo de la población es el Peso al sacrificio, o lo que es lo mismo peso al año asumiendo que se sacrifican los animales al año. Ese carácter tiene por defecto, en el programa, unos valores de 480 kg de media⁴, 50 kg de desviación típica, y una heredabilidad de 0.35.

4 - En cada generación padres e hijos pueden ser candidatos a la selección, es decir escogidos como futuros reproductores⁵.

5 - En todos los animales se controla el parentesco (padre y madre, asumiendo que no hay errores de asignación). En base a toda la información genealógica disponible desde la creación de la población se calculan los coeficientes de consanguinidad y parentesco de los animales.

6 - La fertilidad del rebaño es inicialmente del 85%, y la probabilidad de sexos al nacimiento es un 50%. La fertilidad se ve afectada negativamente por el aumento de la consanguinidad, reduciéndose un 2% por cada 10% de aumento de la consanguinidad. Por simplicidad, esa disminución de la fertilidad no afecta al número de partos, es decir se asume que se ve compensada por un aumento del número de cubriciones.

7 - En la población se produce cada generación un determinado porcentaje de bajas de animales (por defecto un 5%). Si la baja se produce antes del año de edad quiere decir que no dispondremos del dato de peso de ese animal, pues el control se realiza al año.

8 - El valor genético de los animales para el Peso al sacrificio se predice en función del Peso individual de cada animal y del de todos sus descendientes. Al hacer la predicción

² Se trata de una población de reducido tamaño. Su tamaño efectivo al inicio es aproximadamente 18, el mismo que tiene una población de 9 machos y 9 hembras.

³ Autosómicos, dialélicos, y ubicados en distintos cromosomas (es decir independientes).

⁴ Por simplicidad, no se consideran diferencias en el crecimiento de machos y hembras.

⁵ Se considera un intervalo entre partos de 24 meses y una edad a la primera cubrición de 15 meses. Aunque el intervalo entre partos es demasiado largo, y la primera cubrición algo temprana, se facilita la simulación, al poder escoger simultáneamente a padres e hijos.

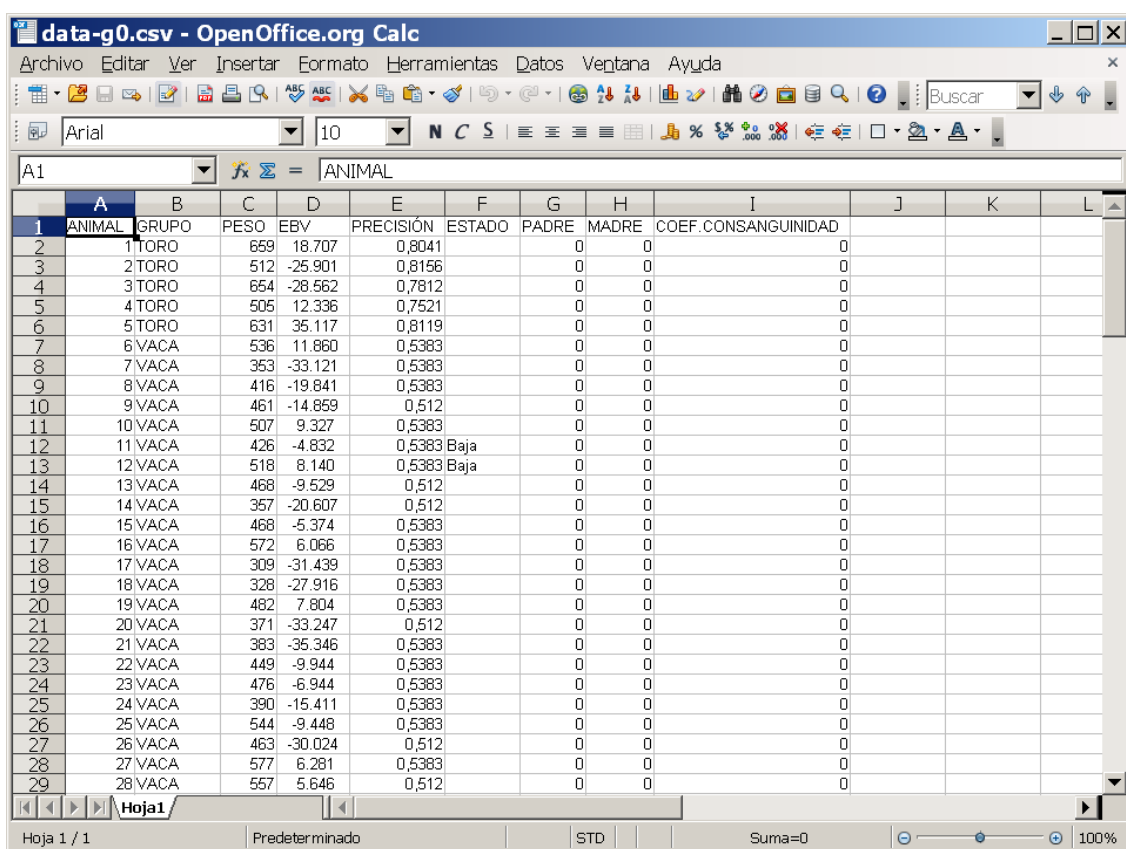
del valor genético de los animales, se calcula también su precisión, que nos informa de lo muy bien o mal que nos aproximamos a su valor genético verdadero.

3 - Funcionamiento

3.1 - Crear un rebaño

Para empezar debemos crear un rebaño [Inicio [Crear Población]]. Al hacerlo se borrará toda la información que exista si se hubiera creado un rebaño anterior.

Los datos de cada generación que vayamos creando los podemos consultar en [Resultados_VG] Los datos se abrirán como hoja de cálculo para poder consultarlos, ordenarlos, etc., pudiendo guardar los cambios para recordar los criterios de elección de reproductores que utilices en tu proceso de selección. La información que vamos a tener de cada animal es su IDENTIFICACIÓN, GRUPO (Toro, Vaca, Ternero, Ternera), EBV (valor genético predicho), PRECISIÓN (de su EBV), ESTADO (si ha sido dado de Baja), PADRE, MADRE y COEF. CONSANGUINIDAD (coeficiente de consanguinidad) (Fig.1).



	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
	ANIMAL	GRUPO	PESO	EBV	PRECISIÓN	ESTADO	PADRE	MADRE	COEF. CONSANGUINIDAD			
2	1	TORO	659	18.707	0,8041		0	0	0			
3	2	TORO	512	-25.901	0,8156		0	0	0			
4	3	TORO	654	-28.562	0,7812		0	0	0			
5	4	TORO	505	12.336	0,7521		0	0	0			
6	5	TORO	631	35.117	0,8119		0	0	0			
7	6	VACA	536	11.860	0,5383		0	0	0			
8	7	VACA	353	-33.121	0,5383		0	0	0			
9	8	VACA	416	-19.841	0,5383		0	0	0			
10	9	VACA	461	-14.859	0,512		0	0	0			
11	10	VACA	507	9.327	0,5383		0	0	0			
12	11	VACA	426	-4.832	0,5383	Baja	0	0	0			
13	12	VACA	518	8.140	0,5383	Baja	0	0	0			
14	13	VACA	468	-9.529	0,512		0	0	0			
15	14	VACA	357	-20.607	0,512		0	0	0			
16	15	VACA	468	-5.374	0,5383		0	0	0			
17	16	VACA	572	6.066	0,5383		0	0	0			
18	17	VACA	309	-31.439	0,5383		0	0	0			
19	18	VACA	328	-27.916	0,5383		0	0	0			
20	19	VACA	482	7.804	0,5383		0	0	0			
21	20	VACA	371	-33.247	0,512		0	0	0			
22	21	VACA	383	-35.346	0,5383		0	0	0			
23	22	VACA	449	-9.944	0,5383		0	0	0			
24	23	VACA	476	-6.944	0,5383		0	0	0			
25	24	VACA	390	-15.411	0,5383		0	0	0			
26	25	VACA	544	-9.448	0,5383		0	0	0			
27	26	VACA	463	-30.024	0,512		0	0	0			
28	27	VACA	577	6.281	0,5383		0	0	0			
29	28	VACA	557	5.646	0,512		0	0	0			

Figura 1. Ejemplo de consulta de [Resultados_VG]

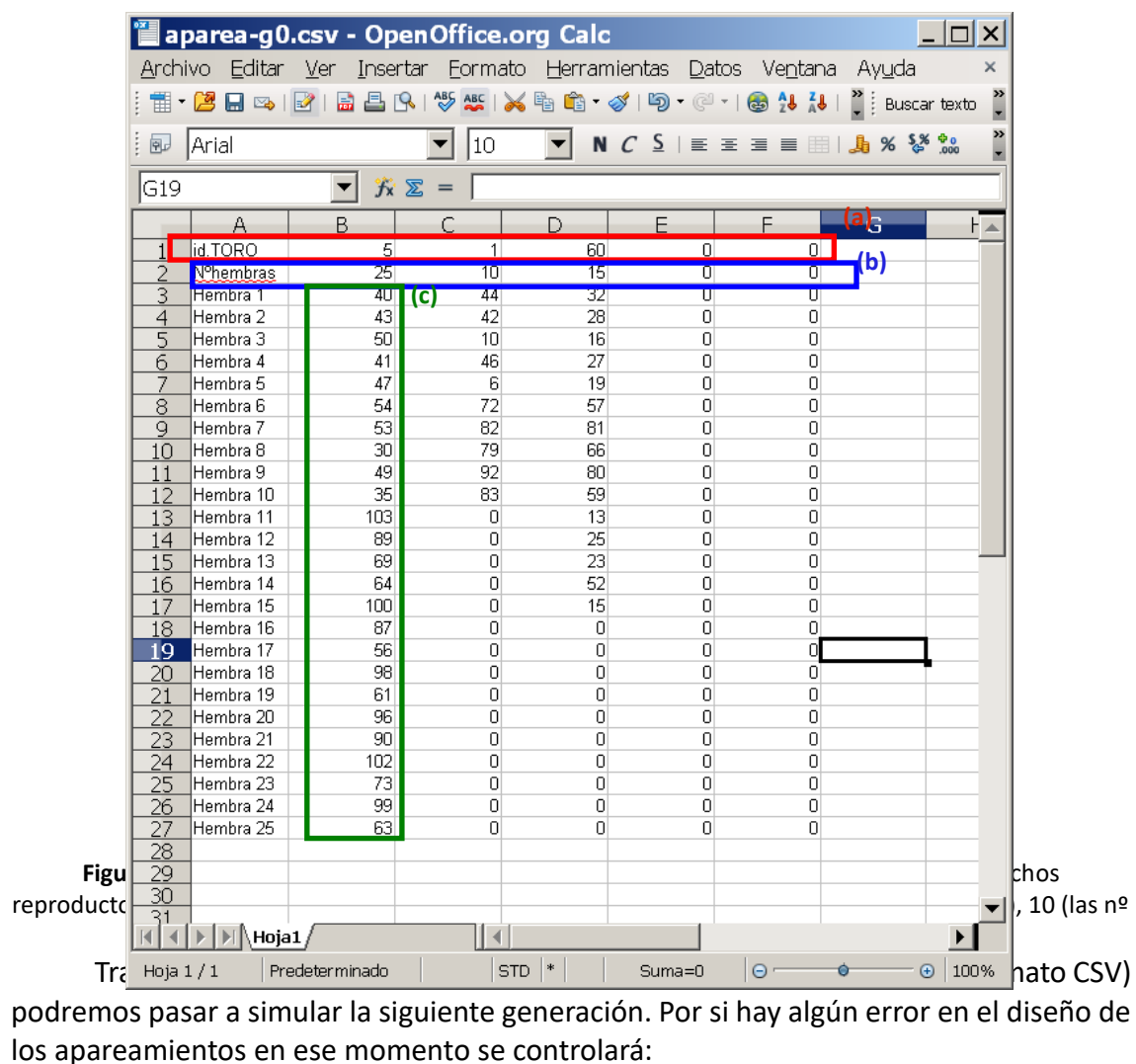
Dado que se simula el Peso al año, los animales jóvenes que aparecen en cada generación y se han dado de baja no disponen de registro de peso.

3.2 - Escoger los futuros reproductores y decidir cómo aparearlos

De los animales presentes en el rebaño cada generación, deberemos escoger los machos (toros o terneros) y hembras (vacas o terneras) que queremos utilizar como futuros reproductores.

Una vez hayamos escogido los animales futuros reproductores, debemos introducir la información a través del menú [Aparear]. Primero, se nos recordarán las reglas del manejo reproductivo del rebaño, que son **usar un mínimo de 2 machos (máximo 5) y un máximo de 25 hembras por macho (con un total de 50 hembras reproductoras por generación)**. Luego, podemos proceder a definir los apareamientos en la hoja de cálculo que a tal efecto se abrirá (Fig.2). En ella se debe trabajar de la siguiente forma:

- 1º - Identificar a los machos a aparear en la 1ª fila de cada columna (a)
- 2º - Indicar debajo el número de hembras que va a cubrir cada macho (b)
- 3º - Listar debajo las hembras que cubrirá cada macho (c)



- que hayas usado un mínimo de 2 machos,
- que hayas apareado un total de 50 hembras,
- que no hayas apareado más de 25 hembras por macho,
- que los animales existan y no estén dados de baja,
- que no hayas confundido algún macho con alguna hembra y viceversa,
- que intentes aparear dos veces una misma hembra,

- que intentes aparear dos lotes de hembras con un mismo macho,

Recibirás el correspondiente aviso si ocurre alguno de los errores anteriores para poder volver al fichero de apareamientos y hacer la oportuna corrección.

3.3 - Simular los animales de la siguiente generación

Usando los apareamientos indicados en [Aparear] podemos crear la próxima generación de animales en [Simular]. **Para ello debemos de haber salvado y cerrado la hoja de cálculo de apareamientos.** Así, se creará una nueva generación de animales con la que deberemos trabajar del mismo modo que con la población inicial, es decir, escoger futuros reproductores y decidir como aparearlos. La única diferencia es que ahora podemos tener en cuenta:

- cuando queramos escoger los futuros reproductores: la consanguinidad que se haya podido producir.
- cuando queramos decidir cómo aparearlos: el parentesco entre animales que se haya podido generar.

El coeficiente de consanguinidad aparece en la última columna de los ficheros que abre [Resultados_VG]. El parentesco lo podemos consultar (a partir de la 1ª generación) en [Consulta_fxy] con funcionamiento análogo a la consulta de datos productivos y predicción del valor genético, abriendo una hoja de cálculo. En este caso la información que obtendremos será para cada macho en activo, la relación de hembras en activo con él emparentadas, y su coeficiente de parentesco (no aparecen listadas las hembras no emparentadas) (Fig.3).

	A	B	C	D
1	MACHO	HEMBRA	COEF.PARENTESCO	
2	1	56	0,25	
3	1	57	0,25	
4	1	59	0,25	
5	1	61	0,25	
6	1	63	0,25	
7	1	64	0,25	
8	1	66	0,25	
9	1	68	0,25	
10	1	119	0,125	
11	1	122	0,125	
12	1	136	0,25	
13	1	137	0,25	
14	1	139	0,25	
15	1	142	0,125	
16	1	143	0,125	
17	1	145	0,125	
18	1	146	0,25	
19	1	147	0,125	
20	1	152	0,125	
21	1	153	0,125	
22	1	154	0,125	
23	1	155	0,125	
24	2	69	0,25	
25	3	72	0,25	
26	3	73	0,25	
27	3	76	0,25	
28	3	79	0,25	
29	3	80	0,25	
30	3	81	0,25	
31	3	82	0,25	

Figura 3. Ejemplo de consulta de [Consulta_fxy] (En este ejemplo, el macho 1 está emparentado con 22 hembras, mientras que el 2 sólo con una hembra, la número 69 con la que tiene un coeficientes de parentesco de 0.25).

3.4 – Consultar en que generación nos encontramos

El programa está pensado para poder trabajar con él en varias sesiones de modo que si lo cerramos se guarde la información generada hasta el momento, que sólo se borrará cuando decidamos crear otro rebaño. Por eso, puede ser útil preguntarle cuál fue la última generación que simulamos para retomar el trabajo. Podemos hacerlo en cualquier momento en [Inicio[Situación actual]], apareciendo un mensaje que nos informará de la última generación simulada.

También podríamos deducir la última generación simulada si consultamos la evolución de las características de la población en [Evolución].

Cabe la posibilidad de repetir una determinada generación volviendo a simularla. En ese caso todas las generaciones posteriores que ya hubieramos simulado se borrarán.

3.5 - Evaluar los cambios producidos en la población

Mediante la consulta [Evolución] podemos ver el RESUMEN de las generaciones simuladas de la población y por lo tanto evaluar las consecuencias de las decisiones de apareamiento que hayamos tomado hasta el momento (Fig.4).

Concretamente podemos ver como evolucionan, en función de como hayamos realizado los apareamientos:

- 1 - El tamaño de la población
- 2 – La media del Peso al sacrificio (al año) de la población.
- 3 – La consanguinidad media de la población.
- 4 – La fertilidad media de la población
- 5 – La frecuencia de los “alelos singulares” de la población

RESUMEN RESULTADOS											
Generaciones											
	G0	G1	G2	G3	G4	G5	G6	G7	G8	G9	G10
Tamaño efectivo de población=	18.2	7.7	7.7	11.3	7.7	7.7	7.7	7.7	14.8		
Nº animales alta: Toros=	5	2	2	3	2	2	2	2	4		
Vacas=	47	48	48	46	48	49	45	48	46		
Terberos=	28	24	21	27	33	23	25	26	21		
Terberas=	19	24	27	20	15	25	21	23	26		
Nº animales de baja=	6	4	4	7	4	3	9	3	7		
Media fenotípica=	481.7	487.9	494.2	491.4	494.0	502.8	496.7	502.4	501.0		
Media valor genético verdadero=	4.6	7.9	14.7	16.0	16.0	18.2	17.3	18.7	21.3		
Consanguinidad media=	0.00	0.01	0.02	0.10	0.09	0.09	0.09	0.16	0.20		
Fertilidad media rebaño (%)=	85.00	84.84	84.63	83.45	83.69	83.67	83.61	82.60	82.0		
Frecuencia alélica 1=	0.076	0.162	0.230	0.306	0.338	0.294	0.304	0.328	0.293		
Frecuencia alélica 2=	0.071	0.034	0.034	0.005	0.005	0.005	0.005	0.000	0.000		
Frecuencia alélica 3=	0.062	0.059	0.069	0.049	0.044	0.049	0.044	0.015	0.005		
Frecuencia alélica 4=	0.024	0.020	0.025	0.019	0.010	0.005	0.010	0.010	0.010		
Frecuencia alélica 5=	0.371	0.407	0.358	0.340	0.319	0.358	0.358	0.333	0.202		
<div>Imprimir</div> <div>Salir</div>											

Figura 4. Ejemplo de Resumen de resultados tras ocho generaciones.

En el ejemplo de la figura 4 podemos ver, hasta la 8ª generación, que el tamaño efectivo de población ha ido variando, se ha perdido un alelo singular de la población, el coeficiente de consanguinidad media ha aumentado, y disminuido la fertilidad de la población. Frente a esos cambios desfavorables, ha habido cierto progreso genético, que se ha traducido en un aumento de la media del peso al sacrificio.

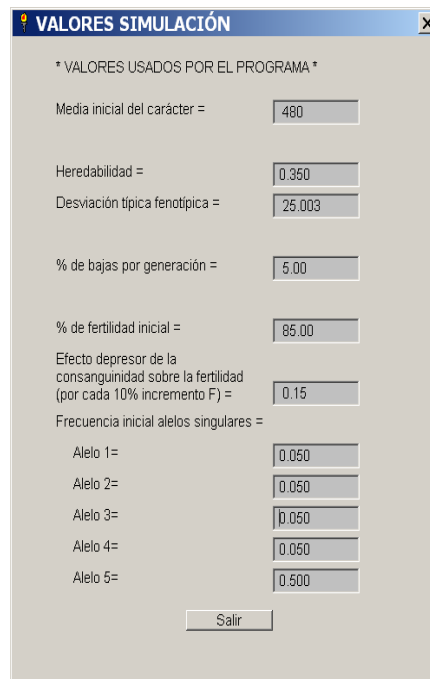
Si le damos a "Imprimir" nos aparecen los resultados en formato texto para enviar a la impresora que escojamos:

Imprimir Resultados										
Archivo										
MIPob: GESTIÓN GENÉTICA DE POBLACIONES ANIMALES										
RESUMEN RESULTADOS: Cambios producidos en diez generaciones										
Generaciones										
G0	G1	G2	G3	G4	G5	G6	G7	G8	G9	G10
Tamaño efectivo de población =										
18.2	7.7	7.7	11.3	7.7	7.7	7.7	7.7	7.7	14.8	
Nº animales alta:										
Toros=										
5	2	2	3	2	2	2	2	2	4	
Vacas=										
47	48	48	46	48	49	45	48	46		
Terneros=										
28	24	21	27	33	23	25	26	21		
Terneras=										
19	24	27	20	15	25	21	23	26		
Nº animales de baja=										
6	4	4	7	4	3	9	3	7		
Media fenotípica=										
481.7	487.9	494.2	491.4	494.0	502.8	496.7	502.4	501.0		
Media valor genético verdadero=										
4.6	7.9	14.7	16.0	16.0	18.2	17.3	18.7	21.3		
Consanguinidad media=										
0.00	0.01	0.02	0.10	0.09	0.09	0.09	0.16	0.20		
Fertilidad media rebaño (%)=										
85.00	84.84	84.63	83.45	83.69	83.67	83.61	82.60	82.0		
Frecuencia alélica 1=										
0.076	0.162	0.230	0.306	0.338	0.294	0.304	0.328	0.293		
Frecuencia alélica 2=										
0.071	0.034	0.034	0.005	0.005	0.005	0.005	0.000	0.000		
Frecuencia alélica 3=										
0.062	0.059	0.069	0.049	0.044	0.049	0.044	0.015	0.005		
Frecuencia alélica 4=										
0.024	0.020	0.025	0.019	0.010	0.005	0.010	0.010	0.010		
Frecuencia alélica 5=										
0.371	0.407	0.358	0.340	0.319	0.358	0.358	0.333	0.202		

4 - Bases teóricas

4.1 – Parámetros simulación

Los valores utilizados para los distintos parámetros de la simulación se pueden consultar en [Sobre_MiPob [Valores simulación]] (Fig.5). Esos valores se pueden modificar (ver "Solución de problemas") aunque sólo tiene sentido hacerlo antes de crear una nueva población, pero nunca en medio de alguna generación (los resultados serían totalmente incoherentes).



The screenshot shows a window titled 'VALORES SIMULACIÓN' with a close button (X). Inside, there is a section titled '* VALORES USADOS POR EL PROGRAMA *'. Below this, several parameters are listed with their corresponding values in input fields:

Parameter	Value
Media inicial del carácter =	480
Heredabilidad =	0.350
Desviación típica fenotípica =	25.003
% de bajas por generación =	5.00
% de fertilidad inicial =	85.00
Efecto depresor de la consanguinidad sobre la fertilidad (por cada 10% incremento F) =	0.15
Frecuencia inicial alelos singulares =	
Alelo 1=	0.050
Alelo 2=	0.050
Alelo 3=	0.050
Alelo 4=	0.050
Alelo 5=	0.500

At the bottom of the dialog is a 'Salir' button.

Figura 5. Consulta de los valores de los parámetros utilizados en la simulación [Sobre_MiPob [Valores simulación]]

4.2 – Simulación valores genéticos y fenotípicos

El fenotipo para el carácter Peso al sacrificio se simula, para el animal i , según la expresión:

$$P_i = \mu + G_i + E_i$$

siendo:

μ , la media del carácter (480 por defecto)

E_i , la componente no heredable del carácter que se simula según una variable normal de media 0 y desviación típica σ_e (20,16 por defecto) $[N(0, \sigma_e^2)]$

G_i representa la componente genética heredable del carácter (valor genético) que se simula según distintas expresiones:

- para los animales de la población inicial según una variable normal de media 0 y desviación típica σ_a (14,79 por defecto) $[N(0, \sigma_a^2)]$
- para los animales de las siguientes generaciones como la semisuma del valor genético de sus padres (G_p y G_m) más una componente de muestreo mendeliano (Φ_i) que permite simular las diferencias genéticas existentes, por ejemplo, entre hermanos completos. La componente de muestreo mendeliana se obtiene de una variable aleatoria con distribución normal de media 0 y desviación típica $(1/4) \cdot \sigma_a$ $[N(0, (1/2)\sigma_a^2)]$.

En resumen: $G_i = [(G_p + G_m)/2] + \Phi_i$

4.3– Predicción del valor genético

El valor genético de los animales se calcula teniendo en cuenta el fenotipo propio y el de todos sus hijos mediante un índice de selección. Asumiendo que no existen factores ambientales no aleatorios en el rebaño (tal como se simula), el cálculo se realiza mediante la siguiente expresión:

$$EBV = b_i \cdot (P_i - P_m) + b_h \cdot (P_h - P_m)$$

donde:

EBV = Valor genético predicho (*Expected breeding value*)

P_i = Peso al sacrificio del animal

P_h = Media del peso al sacrificio de todos sus hijos

P_m = Media del peso al sacrificio de todos los animales pesados desde la creación de la población

$$b_h = \frac{0.5 \cdot h^2 \cdot (1 - h^2)}{\{[1 + 0.25 \cdot h^2 \cdot (n - 1)]/n\} - (0.5 \cdot h^2)^2}$$

siendo: h^2 la heredabilidad

n el número de hijos con registros

La precisión de la predicción de esos valores genéticos se calcula según la expresión:

$$\text{Precisión} = \sqrt{b_i + (0.5 \cdot b_h)}$$

4.4– Cálculo del tamaño efectivo de población

El tamaño efectivo de población (N_e) se calcula para cada generación teniendo en cuenta el número de machos (N_m) y hembras (N_h) que han actuado como reproductores según la expresión:

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{4} \cdot \left(\frac{1}{N_m} + \frac{1}{N_h} \right)$$

o la equivalente:

$$N_e = \frac{4 \cdot N_m \cdot N_h}{N_m + N_h}$$

Esta expresión, así sin más explicación no debe considerarse apropiada, pues asume apareamientos al azar y homogeneidad en el número de hijos producidos por cada reproductor, por lo que sólo se puede considerar como una estimación del límite superior que podría tener el tamaño efectivo de población. Bajo selección, se puede considerar que el tamaño efectivo de población será de aproximadamente un 70% del calculado mediante las fórmulas anteriores.

5 - Solución de problemas

a) SE PRODUCE UN ERROR AL SIMULAR LA PRIMERA GENERACIÓN

La versión en español de MiPob usa como separador de lista el punto y coma (;) pues es la configuración de Windows para Español para casi todas las regiones. Sin embargo, en algunas regiones (por ejemplo, México) Windows utiliza la coma (,) como separador de listas produciendo el error. La solución pasa por cambiar el "separador de listas" en la configuración del PC, o la región de Español, o la más incómoda: usar la versión en inglés de MiPob.

b) LAS HOJAS DE CÁLCULO NO SE ABREN AUTOMÁTICAMENTE

Según como esté configurado tu ordenador es posible que cuando abras los ficheros "*.csv" (para ver Resultados_VG, Consultas_fxy y definir apareamientos) éstos no se abran directamente con Excel sino a través del Explorador de Windows. No tiene mayor inconveniente, pero puede resultarte incómodo trabajar así. Para solucionarlo puedes consultar: <http://support.microsoft.com/kb/162059>

c) QUIERO CAMBIAR LOS VALORES DE LOS PARÁMETROS DE LA SIMULACIÓN

Los valores de los parámetros de la simulación se pueden cambiar en el archivo de texto "param.txt" cuyo contenido es:

```
0.05; input frec.alelo 1
0.05; input frec.alelo 2
0.05; input frec.alelo 3
0.05; input frec.alelo 4
0.5; input frec.alelo 5
0.05; input % bajas
14.79; input desv. típica aditiva
20.16; input desv. típica error
480; input media fenotípica caracter
85; input fertilidad media del rebaño
0.15; input % bajada fertilidad por cada 1% aumento F
```

Si se modifican hay que salir y volver a entrar en el programa para hacer efectivos los cambios.

d) OTROS PROBLEMAS

Cualquier otro problema, que seguro puede surgir, lo puedes consultar por e-mail en leo.alfonso@unavarra.es

6 -Versiones

Mipob_v0: (junio 2012) versión inicial sin probar.

Mipob_v1: (septiembre 2013) se añade ventana impresión resumen resultados (pág.10).

Mipob_v2: (enero 2014) se introducen los siguientes cambios:

.) La media del valor fenotípico y genético verdadero por generación se pasa a calcular para los terneros y terneras obtenidos (que no han sido baja) en vez de para todos los animales (i.e.toros y vacas incluidos) [El cambio se hace para visualizar mejor los cambios generación a generación].

.) Se añade la explicación en el resumen de resultados (ventana e impresión) de que el número de toros, vacas, terneros y terneras presentes en una generación son los que están en activo (no dados de baja) [La aclaración se hace para que se pueda entender por qué habiendo distinto número de toros y vacas, el tamaño efectivo de población puede ser igual en distintas generaciones; el tamaño efectivo se calcula en función de los padres que han participado en la creación de una generación, independientemente de las bajas que en éstos se produzcan posteriormente].

.) Se ha modificado el sistema de control de errores en apareamientos [En algunos casos, fundamentalmente ante errores reiterados, el programa acababa dando problemas debido a salidas de bucle -goto- para ganar tiempo]

.) La componente de muestreo mendeliana se obtiene -tras la primera generación- teniendo en cuenta el coeficiente de consanguinidad de padre (F_p) y madre (F_m), a partir de una variable aleatoria con distribución normal de media 0 y desviación típica $(1/4) \cdot (1 - ((F_p + F_m)/2))^{(1/2)} \cdot \sigma_a \cdot \{[N(0, (1/2)(1 - ((F_p + F_m)/2)) \sigma_a^2)]\}$.