

Nota Técnica

## SISTEMA COMPUTARIZADO PARA LA EVALUACION Y CONTROL DE LA CONSANGUINIDAD EN UNA POBLACION ANIMAL<sup>1</sup>

Carlos Boschini \*

### ABSTRACT

**Computerized system for evaluating and controlling the consanguinity of an animal population.** This paper explains a microcomputer software program (CONSA) which evaluates the grade of animal consanguinity in a population. The system was written in the MUMPS language (Massachussets General Hospital Utility Multi-Programming System). Its main menu offers different options for consulting data, maintaining the database and calculating the consanguinity of an animal or an entire registered population. A database information model was created from the Jersey cattle geneological records at the Alfredo Volio Mata Experimental Station. The calculated values of consanguinity are presented for each animal included in the study. After each calculation, a global variable in the program contains the relationship values between the selected animal and its ancestors, as well as the relationship among the latter. This system requires little RAM and is very efficient in storing information at a fast speed.

### INTRODUCCION

El apareamiento de animales con cierto grado de parentesco es un método de reproducción endogámico. Esta forma, tiene la propiedad de generar individuos homocigotas (Falconer, 1970).

Bajo condiciones de equilibrio, muchas poblaciones silvestres de animales se aparean al azar de generación en generación, manteniendo constante la frecuencia génica de la población, lo cual implica mantener cierto grado de consanguinidad en la población (Li, 1978). Corrientemente, esto no ocurre en las especies animales sometidas a la explotación productiva, donde se presupone los apareamientos son dirigidos y el manejo de la población esta controlada por el hombre. Sin embargo, el cruzamiento consanguíneo controlado y evaluado es un instrumento especial para la selección de individuos superiores.

En la ganadería de leche, el mejoramiento genético basado en el apareamiento de animales con cierto grado de parentesco ha dado excelentes resultados durante los últimos años. La migración de este material genético, por medio de la inseminación artificial, prácticamente llega hoy día a cualquier rincón del mundo. Frecuentemente, algunos toros aparecen como progenitores en 2 o más generaciones y esta sobreposición de material genético no causa ningún problema de producción cuando se conocen las genealogías de los animales (Falconer, 1970). Sin embargo, la evaluación del grado de consanguinidad de los animales sobre el rendimiento productivo de las vacas lecheras recobra un interés especial por su efecto detrimental (Wright, 1992). Von Krosigk *et al.* (1958) ha reportado que la producción de leche se deprime conforme aumenta el grado de consanguinidad a razón de 24,8 kg de leche en 305 días por cada 1% de consanguinidad. Miglior *et al.* (1982) ha señalado que la producción de leche en el ganado Jersey disminuye 35 kg con una consanguinidad menor a 6,25%, 80 kg entre 6,25 y 12,5%, 160 kg entre 12,5 y

1/ Recibido para publicación el 26 de enero de 1994.

\* Estación Experimental Alfredo Volio Mata, Facultad de Agronomía, Universidad de Costa Rica. Tres Ríos, Costa Rica.

18,75% y 300 kg entre 18,75 y 25% de consanguinidad, en cada lactancia de 305 días.

Lo importante en adelante, es conocer el grado de consanguinidad de cada animal en el hato y consecuentemente, obtener hijas menos consanguíneas, dirigiendo el apareamiento de sus madres con toros cuyo grado de parentesco sea bajo y mucho mejor si es nulo.

El grado de consanguinidad en un individuo, lo que mide es la probabilidad de que un par de alelos, uno aportado por el semen del toro y el otro aportado por el óvulo de la vaca, sean idénticos por descendencia en la cría. Este coeficiente de consanguinidad se obtiene investigando retrospectivamente la genealogía hacia los ancestros comunes de ambos padres de un individuo y calculando las probabilidades en cada segregación.

El objetivo del presente trabajo fue desarrollar un "software" para el manejo y almacenamiento de información genealógica, y el correspondiente cálculo de la consanguinidad en una población animal.

## MATERIALES Y METODOS

### Registro genealógico

Es un registro de identificación de cada animal, donde se hace constar, como mínimo:

1)El número de identificación (número único) del animal en un archivo. Se conoce como número de registro del animal. Lo más deseable es que el administrador de estos números, sea una Asociación de Criadores de Animales.

2)El nombre del animal.

3)La fecha de nacimiento del animal.

4)El sexo del animal.

5)La raza del animal.

6)La identificación del padre, que corresponde al número de registro del padre.

7)La identificación de la madre, que corresponde al número de registro de la madre.

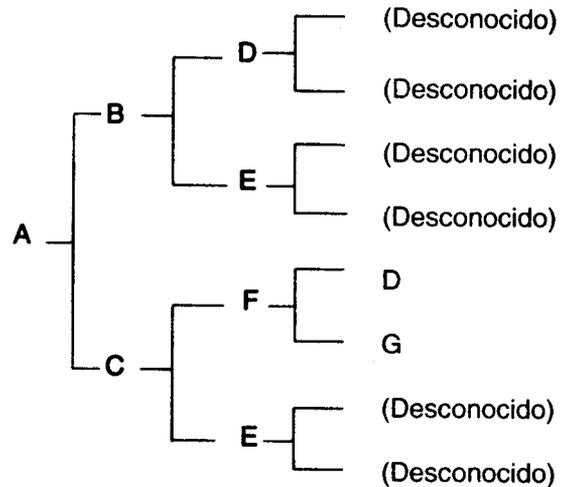
Cuando el registro es manual se incluye la identificación de los abuelos maternos y paternos, sus nombres, fechas de nacimiento y la raza.

### Pedigree

Es el árbol genealógico ascendente de un animal.

### Método de Lush (Hudson *et al.*, 1982)

Es un método tabular en que los animales del pedigree deben ser numerados de 1 a N, de



modo que los padres deben preceder a la progenie, en cada árbol genealógico. Esta reenumeración es temporal, y su propósito es reconocer a cada animal con un subíndice de fila y columna. Este método es usado comúnmente cuando el número de antecesores comunes es muy grande (Tier, 1990).

### Método de Tier (Tier, 1990)

Este método es una simplificación del método tabular, por ello se requiere formar un cuadro con los animales ordenados donde los padres precedan a los hijos. Igualmente se debe construir la matriz de parentesco, aún cuando no se utilicen todos los elementos de la matriz A. Las ecuaciones para calcular los elementos de la diagonal y para calcular los elementos del triángulo superior necesarios son las mismas que se usan en el método tabular. Lo importante es que para calcular un coeficiente de parentesco o de consanguinidad no es necesario obtener todos los elementos de la matriz A, sino solamente los elementos directamente relacionados.

### Lenguaje y estructura de la base de datos

Se tomaron en cuenta 2 elementos fundamentales para el manejo eficiente de la información genealógica: a) la estructura de almacenamiento y b) el procesamiento o cálculo.

En la selección del lenguaje se impusieron 2 elementos fundamentales relacionados con el manejo eficiente de la información genealógica: a) que permitiera la estructura de almacenamiento

requerida en forma fácil de programar y una recuperación de la información muy rápida, y b) que el procesamiento de la información fuese muy eficiente en cuanto a las necesidades de memoria RAM (Random Access Memory). De preferencia se estudiaron los lenguajes de tercera generación PC-compatibles y de fácil transportabilidad. El sistema debería correr en una microcomputadora XT o AT estandar de 640 Kbytes en RAM, con un disco duro de 30-40 MBytes y con una tarjeta madre no mayor a la 80286. Con estas restricciones establecidas, la velocidad de respuesta a un cálculo del valor de consanguinidad se maximiza, previniendo que la velocidad se degrada proporcionalmente en función de la densidad de genitores que posea cada animal en particular.

Dos lenguajes, Turbo C++ de Borland y MUMPS de Micronetics, ofrecieron las facilidades requeridas. Se seleccionó MUMPS (Massachusetts General Hospital Utility Multi Programming System) por proveer un sistema administrador de base de datos. La estructura de la base de datos es jerárquica, con un almacenamiento de la información por caminos múltiples,

en forma de árbol balanceado. De esta manera los datos permanecen en un arreglo ordenado por llaves de clasificación. Esta estructura permite una recuperación extremadamente rápida.

La base de datos en el presente proyecto fue indizada por la identificación del animal, conteniendo cada registro el nombre, sexo, fecha de nacimiento, raza e identificación del padre y de la madre de cada animal. Estos 2 últimos se constituyen en los punteros correspondientes.

### Marco operacional del sistema

El sistema esta compuesto de 6 módulos, para realizar operaciones de consulta, mantenimiento de la base de datos y el cálculo de los coeficientes de consanguinidad. En la Figura 1 se muestra el diagrama operacional correspondiente.

### Fuente de información

Se creó un modelo mixto de información genealógica para la base de datos (Cuadro 1), a partir de los registros de ganado Jersey de la Estación Experimental Alfredo Volio Mata, Universidad de Costa Rica.

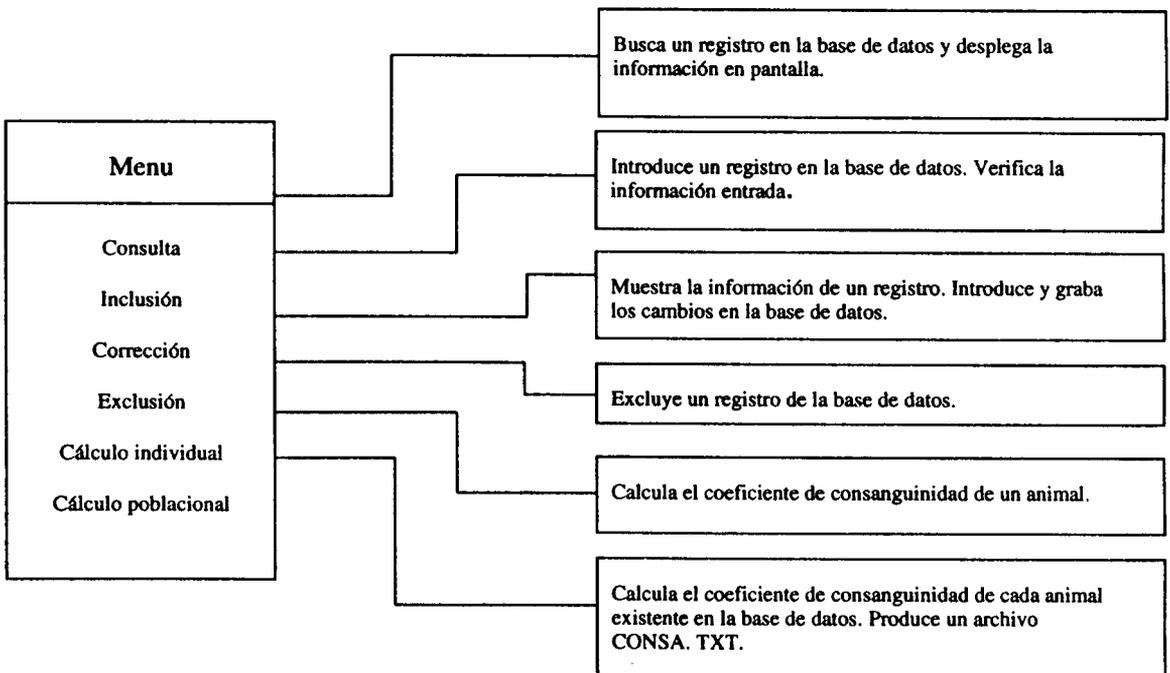


Fig. 1. Diagrama operacional del programa.

## RESULTADOS Y DISCUSION

El sistema corre bajo un ambiente MSM, ejecutando la rutina principal ^CONSA. Al inicio, se presenta un menú de opciones que dirige el camino de operación hacia procedimientos específicos (Figura 1) de consulta, administración de la base de datos y cálculo de consanguinidad. Las 4 primeras opciones hacen un trabajo sobre animales individuales y una opción realiza los cálculos sobre todos los animales existentes en la población registrada. El mantenimiento de la base de datos debe ser periódica, especialmente, la inclusión de animales nuevos en la población objeto de estudio. No se recomienda excluir animales, a menos que por un error extraordinario tal cosa sea necesaria. La opción de corrección permite al usuario hacer emendas parciales o totales a la información individual.

El Apéndice muestra la codificación fuente del programa, escrito en MUMPS. En el Cuadro 2, se presentan los valores de consanguinidad, calculados para cada uno de los animales incluidos en la base de datos. Estos resultados fueron generados seleccionando la opción 6 (cálculo de consanguinidad en toda la población) y un valor de consanguinidad para cada animal individual se obtiene al escoger la opción 5. Ambas opciones, utilizan la rutina ^CALCU (ver el Apéndice) para realizar la búsqueda de los antecesores de un animal y el correspondiente cálculo de consanguinidad. La variable global ^MATRIZA contiene los valores de parentesco entre el animal seleccionado y todo los antecesores registrados, así como el grado de relación entre todos ellos. Estos resultados se pueden extraer para propósitos específicos de los usuarios, programando la

Cuadro 1. Diseño e información de la base de datos (^BDCONSA).

---

^BDCONSA (Animal = Nombre |Sexo |Nacimiento |Raza |Padre |Madre

---

^BDCONSA ("00001")= FRONDOSA |HI 01-01-93 |J 00002 |K0003  
 ^BDCONSA ("00002")= XILO |MI 01-01-91 |J 00004 |K0005  
 ^BDCONSA ("00003")= PALOMA |HI 01-01-91 |J 00004 |K0006  
 ^BDCONSA ("00004")= JOCOSO |MI 01-01-89 |J 00007 |K0008  
 ^BDCONSA ("00005")= PACIFICA |HI 01-01-89 |J 00009 |K0010  
 ^BDCONSA ("00006")= ALEGRIA |HI 01-01-89 |J 00009 |K0010  
 ^BDCONSA ("00007")= LYON |MI 01-01-87 |J 00011 |K0012  
 ^BDCONSA ("00008")= AFRODITA |HI 01-01-87 |J 00013 |K0014  
 ^BDCONSA ("00009")= TORONO |MI 01-01-87 |J 00015 |K0016  
 ^BDCONSA ("00010")= ORQUIDEA |HI 01-01-85 |J 00017 |K0018  
 ^BDCONSA ("00011")= TRISTAM |MI 01-01-85 |J 00019 |K0020  
 ^BDCONSA ("00012")= REVOLTOSA |HI 01-01-85 |J 00029 |K0030  
 ^BDCONSA ("00013")= LORD CHAMPION |MI 01-01-85 |J 00019 |K0020  
 ^BDCONSA ("00014")= NEVADA |HI 01-01-85 |J 00021 |K0022  
 ^BDCONSA ("00015")= COMMANDO RECORDS |MI 01-01-85 |J 00023 |K0024  
 ^BDCONSA ("00016")= PRINCESA |HI 01-01-85 |J 00025 |K0026  
 ^BDCONSA ("00017")= DEACON |MI 01-01-85 |J 00027 |K0028  
 ^BDCONSA ("00018")= PUMA |HI 01-01-85 |J 00019 |K0020  
 ^BDCONSA ("00019")= GALLANT |MI 01-01-83 |J 00027 |K0028  
 ^BDCONSA ("00020")= PROMESA |HI 01-01-83 |J 00025 |K0026  
 ^BDCONSA ("00021")= TRIUMPH |MI 01-01-83 |J 00032 |K0033  
 ^BDCONSA ("00022")= POPPY |HI 01-01-83 |J 00032 |K0033  
 ^BDCONSA ("00023")= SUPREME |MI 01-01-83 |J |  
 ^BDCONSA ("00024")= BELLE |HI 01-01-83 |J |  
 ^BDCONSA ("00025")= DUNCAN |MI 01-01-81 |J |  
 ^BDCONSA ("00026")= KAMMY |HI 01-01-81 |J |  
 ^BDCONSA ("00027")= SPARKLE |MI 01-01-81 |J |  
 ^BDCONSA ("00028")= FASHION |HI 01-01-81 |J |  
 ^BDCONSA ("00029")= LILAC |HI 01-01-81 |J |  
 ^BDCONSA ("00030")= SUNDAE |MI 01-01-81 |J |  
 ^BDCONSA ("00032")= SOLDIER |MI 01-01-81 |J |  
 ^BDCONSA ("00033")= LIBBY |HI 01-01-81 |J |

---

Cuadro 2. Grado de consanguinidad calculado para todos los animales en el modelo genealógico.

Renglón	Animal	Nacimiento	Fx	Padre	Madre
1	00001	01-01-93	0,234375	00002	00003
2	00002	01-01-91	0,0625	00004	00005
3	00003	01-01-91	0,0625	00004	00006
4	00004	01-01-89	0,0625	00007	00008
5	00005	01-01-89	0,03125	00009	00010
6	00006	01-01-89	0,03125	00009	00010
7	00007	01-01-87	0,0	00011	00012
8	00008	01-01-87	0,0	00013	00014
9	00009	01-01-87	0,0	00015	00016
10	00010	01-01-87	0,125	00017	00018
11	00011	01-01-85	0,0	00019	00020
12	00012	01-01-85	0,0	00029	00030
13	00013	01-01-85	0,0	00019	00020
14	00014	01-01-85	0,25	00021	00022
15	00015	01-01-85	0,0	00023	00024
16	00016	01-01-85	0,0	00025	00026
17	00017	01-01-85	0,0	00027	00028
18	00018	01-01-85	0,0	00019	00020
19	00019	01-01-83	0,0	00027	00028
20	00020	01-01-83	0,0	00025	00026
21	00021	01-01-83	0,0	00032	00033
22	00022	01-01-83	0,0	00032	00033
23	00023	01-01-83	0,0		
24	00024	01-01-83	0,0		
25	00025	01-01-81	0,0		
26	00026	01-01-81	0,0		
27	00027	01-01-81	0,0		
28	00028	01-01-81	0,0		
29	00029	01-01-81	0,0		
30	00030	01-01-81	0,0		
31	00032	01-01-81	0,0		
32	00033	01-01-81	0,0		

aplicación correspondiente entre la etiquetas VA6 y VA6+2.

En general, las aplicaciones en el campo genético tienen 2 limitaciones, una en relación al almacenamiento y velocidad de recuperación de la información y otra, en relación a los requerimientos de memoria RAM. La primera fue superada desde el principio al escoger el lenguaje usado y la segunda fue manejado durante la programación, utilizando las variables globales del sistema en forma temporal. De esta manera, los requerimientos de memoria RAM para la matriz de parentesco entre 4 o 400 antecesores es la misma, con un pequeño costo en la velocidad de respuesta. Esto va a permitir que la limitación para la matriz este dada por el espacio libre en el disco duro.

Otras opciones pueden ser incluidas a gusto del usuario. A modo de ejemplo, determinar el grado de parentesco entre un animal y otro

o calcular el valor de consanguinidad para una cría simulando el apareamiento de los padres. Una opción para preparar certificaciones y distribuir los animales, por edad o clase, en categorías de competencia, podría incluirse dentro del menú principal. Por otro lado, la base de datos queda abierta para su ampliación con evaluaciones de tipo, producción o cualquier otra medida de interés particular.

Este "software" es una herramienta muy útil para el manejo y control de la consanguinidad de los animales de explotación y para aquellas especies silvestres criadas en cautiverio.

## RESUMEN

Este trabajo provee un "software" para microcomputadora con el propósito de evaluar el grado de consanguinidad de los animales en un

población. El sistema fue codificado en el lenguaje MUMPS (Massachusetts General Hospital Utility Multi Programming System) La operación se inicia con un menú para seleccionar opciones de consulta, mantenimiento de la base de datos y el cálculo de consanguinidad de un animal o de toda la población registrada. Con los registros genealógicos de ganado Jersey de la Estación Experimental Alfredo Volio Mata se creó un modelo mixto de información para la base de datos. Con cada uno de los animales incluidos, se presentan los valores de consanguinidad calculados. Dentro del programa, una variable global contiene, después de cada cálculo, los valores de parentesco entre el animal seleccionado y sus antecesores, así como el grado de relación entre ellos. Este sistema tiene un bajo requerimiento de memoria RAM y es muy eficiente en el almacenamiento de la información y en la velocidad de respuesta.

#### LITERATURA CITADA

- FALCONER, D.S. 1970. Introducción a la genética cuantitativa. México. Compañía Editorial Continental S.A. p. 430.
- HUDSON, G.F.S.; QUAAS, R.L.; VAN VLECK, L.D. 1982. Computer algorithm for the recursive method of calculating large numerator relationship matrices. *J. Dairy Sci.* 65:2018-2022.
- LI, C.C. 1978. First course in population genetics. California. Pacific Grove. p. 631.
- MIGLIOR, F.; SZKOTNICKI, B.; BURNSIDE, E.B. 1982. Analysis of levels of inbreeding depression in Jersey cattle. *J. Dairy Sci.* 75:1112-1118
- TIER, B. 1990. Computing inbreeding coefficients quickly. *Genet. Sel. Evol.* 22:419-430.
- VON KROSIGK, C.M.; LUSH, J.L. 1958. Effect of inbreeding on production in Holstein. *J. Dairy Sci.* 41:105-113.
- WRIGHT, S. 1992. Coefficients of inbreeding and relationship. *Amer. Natur.* 56:330-338.

```

CONSA      ; PROGRAMA PRINCIPAL DE CONSANGUINIDAD
           ; AUTOR: CARLOS BOSCHINI F., M Sc.
D RUT1^UTILES,RUT2^UTILES,RUT3^UTILES
S AUT1="S x=32,y=2 W @Cxy,""Carlos Boschini""
S AUT2="S x=20,y=3 W @Cxy,""Estacion Experimental
           ..Alfredo Volio Mata""
MENU      W @Cls D RUT4^UTILES X AUT1,AUT2 S x=33
           S y=8 W @Cxy,"      MENU"
           S y=9 W @Cxy,"-----"
           S y=10 W @Cxy,"Consulta      1"
           S y=11 W @Cxy,"Inclusion      2"
           S y=12 W @Cxy,"Correccion    3"
           S y=13 W @Cxy,"Exclusion     4"
           S y=14 W @Cxy,"Calculo      5"
           S y=15 W @Cxy,"Calc. Poblac. 6"
           S y=16 W @Cxy,"Salida       7"
           S y=17 W @Cxy,"-----"
           S y=18 W @Cxy,"Opcion      " R OPCION#1
           I (OPCION<1:(OPCION>7)) S x=50 W @Cxy,"NO EXISTE"
           .....H 1
           D ^CONSU:OPCION=1,^INCLU:OPCION=2,^CORRE:OPCION=3,
           .....^EXCLU:OPCION=4,^CALCU:OPCION=5,^CALPO:OPCION=6,SAL
           .....LID:OPCION=7
           Q:OPCION=7
           G MENU
SALID     ; Rutina de salida
           S x=1,y=24 W @Cxy,"TERMINACION DEL PROGRAMA" H 2 W
           ..... @Cls Q

CONSU     ; Rutina de consulta - programa CONSA
SIGAL    W @Cls D RUT4^UTILES
           S x=10,y=6 W @Cxy,"Consulta de animales" D RUT5^U
           .....TILES Q:ANIMAL=""
           I $(^BDCONSA(ANIMAL))'=1 D RUT9^UTILES G SIGAL
           D RUT6^UTILES,RUT7^UTILES,RUT8^UTILES
           S y=16 W @Cxy,"Aprete cualquier tecla para co
           .....ntinuar..." R OK#1
           G SIGAL

INCLU    ; Rutina de inclusion - programa CONSA
SIGAL    W @Cls D RUT4^UTILES
           S x=10,y=6 W @Cxy,"Inclusion de animales"
VA1      D RUT5^UTILES Q:ANIMAL=""
           G:ANIMAL'?@ANI VA1
           I $(BDCONSA(ANIMAL))=1 D ERR G SIGAL

```

```

           S y=9 W @Cxy,"Nombre del animal      : " R
           ..... NOMBRE
VA2      S y=10 W @Cxy,"Sexo del animal      : " R
           ..... SEXO#1
           G:SEXO'?@SEX VA2
           G:"HhMm"?(SEXO=1 VA2
           S:SEXO="h" SEXO="H"
           S:SEXO="m" SEXO="M"
           S x=38
           W:SEXO="H" @Cxy,"HEMBRA"
           W:SEXO="M" @Cxy,"MACHO"
VA3      S x=10,y=11 W @Cxy,"Fecha de nacimiento : "
           .....R NACIM#8
           G:NACIM'?@NAC VA3
           G:$P(NACIM,"-",1)<1:($P(NACIM,"-",2)<1):($P(NACIM,
           ....."-",3)<80) VA3
           G:$P(NACIM,"-",2)>12 VA3
           S DMES=DIASHES($P(NACIM,"-",2)/1)
           S:$P(NACIM,"-",2)/1=2&(($P(NACIM,"-",3)#4)=0) DMES
           .....=29
           G:$P(NACIM,"-",1)>DMES VA3
VA4      S y=12 W @Cxy,"Raza del animal      : " R
           ..... RAZA#1
           G:RAZA'?@RAZ VA4
           G:"HhJjGgPp"?(RAZA=1 VA4
           S:RAZA="h" RAZA="H"
           S:RAZA="j" RAZA="J"
           S:RAZA="g" RAZA="G"
           S:RAZA="p" RAZA="P"
           S x=38
           W:RAZA="H" @Cxy,"HOLSTEIN"
           W:RAZA="J" @Cxy,"JERSEY"
           W:RAZA="G" @Cxy,"GUERNSEY"
           W:RAZA="P" @Cxy,"PARDO SUIZO"
VA5      S x=10,y=13 W @Cxy,"Identificacion del padre : "
           .....R PADRE#5
           G:PADRE'?@ANI VA5
           S:PADRE="00000" PADRE=""
VA6      S y=14 W @Cxy,"Identificacion de la madre: " R
           ..... MADRE#5
           G:MADRE'?@ANI VA6
           S:MADRE="00000" MADRE=""
           D RUT8^UTILES
SIGA2    S y=16 W @Cxy,"Esta OK (Si/No)      : " R
           ..... OK#1
           G:"sNn"?(OK=1 SIGA2
           G:"Nn"?(OK&(OK=""') SIGAL

```

```

S ^BDCONSA(ANIMAL)=NOMBRE_"|"_SEXO_"|"_NACIM_"|"_R
.....AZA_"|"_PADRE_"|"_MADRE
G SIGA1
ERR S x=24,y=24 W @Cxy,"... EXISTE EN ARCHIVO ... Espe
.....re" H 1
S x=24,y=24 W @Cxy,"
....."
Q

CORRE ; RUTINA DE CORRECCION - PROGRAMA CONSA
SIGA1 W @Cls D RUT4^UTILES
S x=10,y=3 W @Cxy,"Correccion de animales"
S y=4 W @Cxy,"-----"
S y=5 W @Cxy,"Identificacion del animal : "
.....R ANIMAL#5
Q:ANIMAL=""
I $D(^BDCONSA(ANIMAL))'=1 D RUT9^UTILES G SIGA1
D RUT6^UTILES
S y=7 W @Cxy,"Nombre del animal : ",
.....NOMBRE
S y=9 W @Cxy,"Sexo del animal : "
S x=38 W:SEXO="H" @Cxy,"HEMBRA"
W:SEXO="M" @Cxy,"MACHO"
S x=10,y=11 W @Cxy,"Fecha de nacimiento : ",
.....NACIM
S y=13 W @Cxy,"Raza del animal : "
S x=38 W:RAZA="H" @Cxy,"HOLSTEIN"
W:RAZA="J" @Cxy,"JERSEY"
W:RAZA="G" @Cxy,"GUERNSEY"
W:RAZA="P" @Cxy,"PARDO SUIZO"
S x=10,y=15 W @Cxy,"Identificacion del padre : ",
.....PADRE
S y=17 W @Cxy,"Identificacion de la madre : ",
.....MADRE
S y=19 W @Cxy,"-----"
SIGA2 S y=20 W @Cxy,"Desea hacer alguna correccion
.....(Si/No) : " R OK#1
G:"SsNn"[OK=1 SIGA2
G:"Nn"[OK=1&(OK=""') SIGA1
VA1 S x=38,y=8 W @Cxy R NOMBRA
G:NOMBRA="" VA2
S NOMBRE=NOMBRA
VA2 S x=38,y=10 W @Cxy R SEXA#1
G:SEXA="" VA3
S SEXO=SEXA
G:SEXO'?@SEX VA2

```

```

G:"HhMm"[SEXO=1 VA2
S:SEXO="h" SEXO="H"
S:SEXO="m" SEXO="M"
S x=38 W:SEXO="H" @Cxy,"HEMBRA"
W:SEXO="M" @Cxy,"MACHO"
VA3 S x=38,y=12 W @Cxy R NACIMA#8
G:NACIMA="" VA4
S NACIM=NACIMA
G:NACIM'?@NAC VA3
G:$P(NACIM,"-",1)<1:($P(NACIM,"-",2)<1):($P(NACIM,
....."-",3)<80) VA3
G:$P(NACIM,"-",2)>12 VA3
S DMES=DIASMES($P(NACIM,"-",2)/1)
S:$P(NACIM,"-",2)/1=2&((($P(NACIM,"-",3)#4)=0) DMES
.....=29
G:$P(NACIM,"-",1)>DMES VA3
VA4 S x=38,y=14 W @Cxy R RAZO#1
G:RAZO="" VA5
S RAZA=RAZO
G:RAZA'?@RAZ VA4
G:"HhJjGgPp"[RAZA=1 VA4
S:RAZA="h" RAZA="H"
S:RAZA="j" RAZA="J"
S:RAZA="g" RAZA="G"
S:RAZA="p" RAZA="P"
S x=38 W:RAZA="H" @Cxy,"HOLSTEIN"
W:RAZA="J" @Cxy,"JERSEY"
W:RAZA="G" @Cxy,"GUERNSEY"
W:RAZA="P" @Cxy,"PARDO SUIZO"
VA5 S x=38,y=16 W @Cxy R PADRO#5
G:PADRO="" VA6
S PADRE=PADRO
G:PADRE'?@ANI VA5
S:PADRO="00000" PADRE=""
VA6 S x=38,y=18 W @Cxy R MADRO#5
G:MADRO="" SIGA3
S MADRE=MADRO
G:MADRE'?@ANI VA6
S:MADRO="00000" MADRE=""
SIGA3 S x=10,y=20 W @Cxy,"
....."
S x=10 W @Cxy,"Esta OK (Si/No)
.....R OK#1
G:"SsNn"[OK=1 SIGA3
G:"Nn"[OK&(OK=""') SIGA1
S ^BDCONSA(ANIMAL)=NOMBRE_"|"_SEXO_"|"_NACIM_"|"_R
.....AZA_"|"_PADRE_"|"_MADRE
G SIGA1

```

```

EXCLU ; RUTINA DE EXCLUSION - PROGRAMA CONSA
SIGAL W @ClS D RUT4^UTILES
S x=10,y=6 W @Cxy,"Exclusion de animales"
D RUT5^UTILES Q:ANIMAL=""
I $D(^BDCONSA(ANIMAL))'=1 D RUT9^UTILES G SIGAL
D RUT6^UTILES,RUT7^UTILES,RUT8^UTILES
SIGA2 S y=16 W @Cxy,"Desea excluir este registro (S
.....i/No): " R OK#1
G:"SsNn"(OK=1 SIGA2
K:"Ss"(OK=1&(OK="" ^BDCONSA(ANIMAL)
G SIGAL
    
```

```

CALCU ; RUTINA DE CALCULO - PROGRAMA CONSA
SIGAL W @ClS D RUT4^UTILES
S x=10,y=6 W @Cxy,"Calculo de consanguinidad"
D RUT5^UTILES
S ANIMA=ANIMAL Q:ANIMAL=""
I $D(^BDCONSA(ANIMAL))'=1 D RUT9^UTILES G SIGAL
D RUT6^UTILES,RUT7^UTILES,RUT8^UTILES,VA7
S HIJO=ANIMAL,TORO=PADRE,VACA=MADRE,ANIMAL=TORO
K MATRIZ,ESPERA,^MATRIZ1,^MATRIZ2,^MATRIZ3,^MATRIZ
    
```

```

.....4
S (I,J,K,L)=0
G:ANIMAL="" VA6
VA1 S I=I+1,L=L+1,MATRIZ(L,I)=ANIMAL
I $D(^BDCONSA(ANIMAL))'=1 G VA6
S MADRE=$P(^BDCONSA(ANIMAL),"",6)
S PADRE=$P(^BDCONSA(ANIMAL),"",5)
I MADRE="" S K=K+1,ESPERA(K)=MADRE
I PADRE="" S K=K+1,ESPERA(K)=PADRE
I PADRE="" S I=I+1,MATRIZ(L,I)=PADRE
I MADRE="" S I=I+1,MATRIZ(L,I)=MADRE
I $D(ESPERA(K))'=1 G VA1+10
I K>0 S ANIMAL=ESPERA(K),K=K-1 G VA1+1
I L<2 S N=I,I=0,ANIMAL=VACA G VA1
VA2 S M=I,K=0
S ANIMAL=ANIMA D RUT6^UTILES
S NACE=$P(NACIM,"-",3)_$P(NACIM,"-",2)_$P(NACIM,"-
.....,1)
S ^MATRIZ1(NACE,ANIMAL)=PADRE_"|"_MADRE,K=K+1
F J=1:1:N S ANIMAL=MATRIZ(1,I) D RUT6^UTILES S NAC
.....E=$P(NACIM,"-",3)_$P(NACIM,"-",2)_$P(NACIM,"-",1)
.....S:$D(^MATRIZ1(NACE,ANIMAL))'=1 ^MATRIZ1(NACE,ANIMA
.....L)=PADRE_"|"_MADRE,K=K+1
F J=1:1:M S ANIMAL=MATRIZ(2,J) D RUT6^UTILES S NAC
.....E=$P(NACIM,"-",3)_$P(NACIM,"-",2)_$P(NACIM,"-",1)
.....S:$D(^MATRIZ1(NACE,ANIMAL))'=1 ^MATRIZ1(NACE,ANIMA
.....L)=PADRE_"|"_MADRE,K=K+1
    
```

```

S J=0,NACE="",ANIMAL="",HAY=0
F J=1:1:K S:HAY=0 NACE=$O(^MATRIZ1(NACE)),ANIMAL=$
.....O(^MATRIZ1(NACE,ANIMAL)) S ^MATRIZ2(J)=NACE_"|"_AN
.....IMAL,^MATRIZ3(ANIMAL)=J,HAY=0,ANIM=$O(^MATRIZ1(NAC
.....E,ANIMAL)),ANIMAL=ANIM S:ANIM="" HAY=1
S NACE="",ANIMAL="",HAY=0
F I=1:1:K D VA3
F I=1:1:K F J=I:1:K D:I=J VA4 D:I'=J VA5
D VA6
Q
VA3 S:HAY=0 NACE=$O(^MATRIZ1(NACE)),ANIMAL=$O(^MATRIZ1
.....(NACE,ANIMAL))
S PADRE=$P(^MATRIZ1(NACE,ANIMAL),"",1),MADRE=$P(^
.....MATRIZ1(NACE,ANIMAL),"",2)
I PADRE="" S PADRE=0
E S PADRE=$P(^MATRIZ3(PADRE),"",1)
I MADRE="" S MADRE=0
E S MADRE=$P(^MATRIZ3(MADRE),"",1)
S ^MATRIZ3(ANIMAL)=^MATRIZ3(ANIMAL)"|"_PADRE_"|"_
.....MADRE
S ANIM=$O(^MATRIZ1(NACE,ANIMAL))
S ANIMAL=ANIM,HAY=0 S:ANIM="" HAY=1
Q
VA4 S ANIMAL=$P(^MATRIZ2(J),"",2)
S PADRE=$P(^MATRIZ3(ANIMAL),"",2),MADRE=$P(^MATRI
.....Z3(ANIMAL),"",3)
I PADRE=0!(MADRE=0) S ^MATRIZ4(J,J)=1 Q
S:PADRE<MADRE ^MATRIZ4(J,J)=1+(0.5*^MATRIZ4(PADRE,
.....MADRE))
S:PADRE>MADRE ^MATRIZ4(J,J)=1+(0.5*^MATRIZ4(MADRE,
.....PADRE))
Q
VA5 S ANIMAL=$P(^MATRIZ2(J),"",2)
S PADRE=$P(^MATRIZ3(ANIMAL),"",2),MADRE=$P(^MATRI
.....Z3(ANIMAL),"",3)
I PADRE=0&(MADRE=0) S ^MATRIZ4(I,J)=0,^MATRIZ4(J,I
.....)=0 Q
S:PADRE'=0 PADRE=^MATRIZ4(I,PADRE)
S:MADRE'=0 MADRE=^MATRIZ4(I,MADRE)
S ^MATRIZ4(I,J)=0.5*(PADRE+MADRE)
S ^MATRIZ4(J,I)=^MATRIZ4(I,J)
Q
VA6 S FXX=0
I $D(^MATRIZ3(ANIMA))=1 S J=$P(^MATRIZ3(ANIMA),"|
.....,1),FXX=^MATRIZ4(J,J)-1
K ^MATRIZ1,^MATRIZ2,^MATRIZ3,^MATRIZ4
Q:OPCION=6
S x=10,y=16 W @Cxy,"Valor de consanguinidad : "
.....FXX
    
```

```

S x=1,y=24 W @Cxy,"Aprete cualquier tecla para co
.....ntinuar ... " R OK#1
Q
VA7 S x=1,y=24 W @Cxy,"..... Calculos en proceso ....
....."Q

CALPO ; RUTINA CALCULO DE CADA INDIVIDUO EN POBLACION
W @Cls D VA1 S ANIMAL=""
O 51:(*C:\MSM\CONSA.TXT":*W*)
U 51 W "RENGLON ANIMAL NACIMIENTO Fx PA
.....DRE MADRE",!
U 1 F IJK=1:1 D VA2 Q:ANIMAL=""
U 51 W ! C 51
W !!, "TERMINO ... Aprete cualquier tecla para volv
.....er al MENU ... "
R AZ#1 Q
VA1 S x=19,y=1 W @Cxy,"Calculo de consanguinidad de la
..... poblacion"
S x=0,y=2 W @Cxy F I=0:1:79 W "-"
Q
VA2 S ANIMAL=$O(^BDCONSA(ANIMAL)) Q:ANIMAL=""
S ANIMA=ANIMAL D RUT6^UTILES
D SIGAI+6^CALCU
S ANIMAL=ANIMA D RUT6^UTILES
W !!, IJK, ?5, ANIMAL, ?15, NACIM, ?25, FXX, ?35, PADRE, ?45
....., MADRE
U 51 W IJK, ?10, ANIMAL, ?20, NACIM, ?30, FXX, ?40, PADRE,
.....?50, MADRE,!
U 1 Q

UTILES ; RUTINA UTILITARIA DEL PROGRMA CONSA
RUT1 ; rutina para limpiar la pantalla
S Cls="SC(27,91,72,27,91,50,74)" W @Cls
; rutina para posicionar el cursor
S Cxy="SC(27,91),y+1,SC(59),x+1,SC(72) S $X=x,$Y=y
....."
S x=33,y=7 W @Cxy Q
RUT2 S ANI="5N",SEX="1A",NAC="2N1""--"2N1""--"2N",RAZ="
.....1A" Q

```

```

RUT3 S DIASMES(1)=31,DIASMES(2)=28,DIASMES(3)=31,DIASME
.....S(4)=30
S DIASMES(5)=31,DIASMES(6)=30,DIASMES(7)=31,DIASME
.....S(8)=31
S DIASMES(9)=30,DIASMES(10)=31,DIASMES(11)=30,DIAS
.....MES(12)=31 Q
RUT4 S x=27,y=1 W @Cxy,"CALCULO DE CONSANGUINIDAD" Q
RUT5 S y=7 W @Cxy,"-----"
S y=8 W @Cxy,"Identificacion del animal : "
.....R ANIMAL#5 Q
RUT6 S NOMBRE=$P(^BDCONSA(ANIMAL),"I",1),SEXO=$P(^BDCON
.....SA(ANIMAL),"I",2)
S NACIM=$P(^BDCONSA(ANIMAL),"I",3),RAZA=$P(^BDCONS
.....A(ANIMAL),"I",4)
S PADRE=$P(^BDCONSA(ANIMAL),"I",5),MADRE=$P(^BDCON
.....SA(ANIMAL),"I",6) Q
RUT7 S y=9 W @Cxy,"Nombre del animal : ",
.....NOMBRE
S y=10 W @Cxy,"Sexo del animal : "
S x=38 W:SEXO="H" @Cxy,"HEMBRA"
W:SEXO="M" @Cxy,"MACHO"
S x=10,y=11 W @Cxy,"Fecha de nacimiento : ",
.....NACIM
S y=12 W @Cxy,"Raza del animal : "
S x=38 W:RAZA="H" @Cxy,"HOLSTEIN"
W:RAZA="J" @Cxy,"JERSEY"
W:RAZA="G" @Cxy,"GUERNSEY"
W:RAZA="P" @Cxy,"PARDO SUIZO"
S x=10,y=13 W @Cxy,"Identificacion del padre : ",
.....PADRE
S y=14 W @Cxy,"Identificacion de la madre: ",
.....MADRE
Q
RUT8 S y=15 W @Cxy,"-----"
....." Q
RUT9 S x=16,y=24 W @Cxy,"... NO ESTA EN ARCHIVO ... Esp
.....ere" H 1
S x=16,y=24 W @Cxy,"
....." Q

```