



UNIVERSIDAD TÉCNICA DE COTOPAXI

DIRECCIÓN DE POSGRADO

MAESTRÍA EN CIENCIAS VETERINARIAS

ARTÍCULO PROFESIONAL DE ALTO NIVEL

Título:

**Diversidad genética y estructura de la población de la raza
Charolais en Ecuador a través del pedigrí**

Trabajo de titulación previo a la obtención del título de Magíster en Ciencias
Veterinarias

Autor:

Edwin Fernando Lozada Rivadeneira

Tutor:

Edilberto Chacón Marcheco, PhD.

Cotutor:

Luis Favian Cartuche Macas, MSc.

LATACUNGA –ECUADOR

2023

APROBACIÓN DEL TUTOR

En mi calidad de Cotutor del Trabajo de Titulación “**Diversidad genética y estructura de la población de la raza Charolais en Ecuador a través del pedigrí**” presentado por Lozada Rivadeneira Edwin Fernando, para optar por el título Magíster en Ciencias Veterinarias.

CERTIFICO

Que dicho trabajo de investigación ha sido revisado en todas sus partes y se considera que reúne los requisitos y méritos suficientes para ser sometido a la presentación para la valoración por parte del Tribunal de Lectores que se designe y su exposición y defensa pública.

Latacunga, 29 enero del 2023.



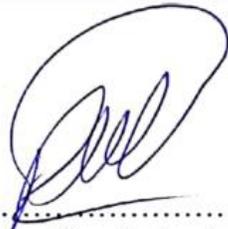
.....
DMV. Edilberto Chacón Marcheco, PhD

CI: 1756985691

APROBACIÓN TRIBUNAL

El trabajo de Titulación: Diversidad genética y estructura de la población de la raza Charolais en Ecuador a través del pedigrí, ha sido revisado, aprobado y autorizada su impresión y empastado, previo a la obtención del título de Magíster en Ciencias Veterinarias; el presente trabajo reúne los requisitos de fondo y forma para que el estudiante pueda presentarse a la exposición y defensa.

Latacunga, 5 de mayo de 2023



.....
Rafael Alfonso Garzón Jarrín PhD.
CC: 0501097224
Presidente del tribunal



.....
Lucía Monserrath Silva Deley MsC.
CC: 0602933673
Lector 2



.....
Xavier Cristóbal Quishpe Mendoza MsC.
CC: 0501880132
Lector 3

AGRADECIMIENTO

A la Asociación Charolais del Ecuador por facilitar el uso de sus registros, a la Universidad Técnica de Cotopaxi con su programa de Maestría en Ciencias Veterinarias y a todos los profesionales que cooperaron en el presente trabajo.

RESPONSABILIDAD DE AUTORÍA

Quien suscribe, declara que asume la autoría de los contenidos y los resultados obtenidos en el presente Trabajo de Titulación.

Latacunga, 15 de enero de 2023

A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'E. Lozada', with a large, sweeping flourish extending to the right and ending in a hook-like shape. The signature is positioned above a horizontal dotted line.

Edwin Fernando Lozada Rivadeneira
CI: 1400503445

RENUNCIA DE DERECHOS

Quien suscribe, cede los derechos de autoría intelectual total y/o parcial del presente trabajo de titulación a la Universidad Técnica de Cotopaxi.

Latacunga, 15 de enero de 2023

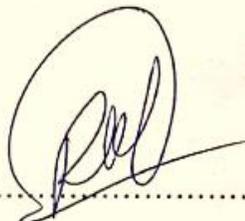
A handwritten signature in blue ink, appearing to read 'E. Lozada', written over a horizontal dotted line.

Edwin Fernando Lozada Rivadeneira
CI: 1400503445

AVAL DEL VEEDOR

Quien suscribe, declara que el presente Trabajo de Titulación Diversidad genética y estructura de la población de la raza Charolais en Ecuador a través del pedigrí contiene las correcciones a las observaciones realizadas por los miembros del tribunal en la predefensa.

Latacunga, 5 de mayo de 2023

A handwritten signature in black ink, consisting of a large, stylized 'R' followed by 'Garzón' and a horizontal line extending to the right.

.....
Rafael Garzón PhD.

UNIVERSIDAD TÉCNICA DE COTOPAXI
DIRECCIÓN DE POSGRADO

MAESTRÍA EN CIENCIAS VETERINARIAS

Título: Diversidad genética y estructura de la población de la raza Charolais en Ecuador a través del pedigrí.

Autor: Edwin Fernando Lozada Rivadeneira

Tutor: Chacón Marcheco Edilberto, PhD.

Cotutor: Cartuche Macas Luis Favian MSc.

RESUMEN

La evaluación de la diversidad genética y el flujo de genes a través de información genealógica de una población es necesaria en los programas de mejora genética. El objetivo del estudio fue evaluar la diversidad y estructura genética de la población Charolais en el Ecuador. Se utilizaron tres grupos de datos, la población histórica, población actual y la población de referencia. La información de cada animal incluyó nombre y número de registro propio, del padre, la madre y fecha de nacimiento. Los parámetros evaluados fueron la completitud del pedigrí, intervalo generacional, consanguinidad, parentesco medio, incremento de consanguinidad y tamaño efectivo de la población. Para el procesamiento de los datos se utilizó el programa ENDOG v4.0. La completitud del pedigrí disminuyó de forma considerable a partir de la segunda generación en ambas poblaciones, aunque la primera generación mostró valores de 0.617 y 0.745. El intervalo generacional promedio fue de 7.17 años para la población histórica y 8.42 años para la actual. La vía padre fue superior a la materna en ambas poblaciones. Los valores de consanguinidad fueron de 0.08% y 0.14%, respectivamente. La raza Charolais en el Ecuador se encuentra en proceso de establecimiento considerándose una población joven desde el punto de vista genético. El uso de biotecnologías reproductivas ha influenciado directamente en la calidad de la información genealógica que sumado al control en los registros de animales nuevos permitirá a la asociación disponer de herramientas fiables para la gestión de la población.

Palabras clave: Charolais, Ecuador, diversidad genética, consanguinidad, mejora genética.

UNIVERSIDAD TÉCNICA DE COTOPAXI
DIRECCIÓN DE POSGRADO

MAESTRÍA EN CIENCIAS VETERINARIAS

Title: Genetic diversity and population structure of the Charolais breed in Ecuador through pedigree.

Author: Edwin Fernando Lozada Rivadeneira, MVZ

Tutor: Chacón Marcheco Edilberto, PhD.

Cotutor: Cartuche Macas Luis Favian MSc.

ABSTRACT

The evaluation of genetic diversity and gene flow through genealogical information of a population is necessary in genetic improvement programs. The objective of the study was to evaluate the diversity and genetic structure of the Charolais population in Ecuador. Three groups of data were used, the historical population, current population and the reference population. The information for each animal included its own name and registration number, the father's, mother's, and date of birth. The parameters evaluated were the completeness of the pedigree, generation interval, consanguinity, mean relationship, increase in consanguinity and effective population size. For data processing, the ENDOG program was used. The completeness of the pedigree decreased considerably from the second generation in both populations, although the first generation showed values of 0.617 and 0.745. The average generation interval was 7.17 years for the historical population and 8.42 years for the current one. The father pathway was superior to the maternal pathway in both populations. The consanguinity values were 0.08% and 0.14%, respectively. The Charolais breed in Ecuador is in the process of being established, and can be considered a young population from the genetic point of view. The use of reproductive biotechnologies has directly influenced the quality of the genealogical information added to the control in the records of new animals, which will allow the association to have reliable tools for population management.

Keywords: Charolais, Ecuador, genetic diversity, consanguinity, genetic improvement.

Tannya Verónica Rivadeneira Brito con cédula de identidad número 1400491195, Licenciada en: CIENCIAS DE LA EDUCACION EN LA ESPECIALIZACION DE LENGUA Y LITERATURA INGLESA con número de registro de la SENESCYT 1007-08-815658; CERTIFICO haber revisado y aprobado la traducción al idioma inglés del resumen del trabajo de investigación con el título: Diversidad genética y estructura de la población de la raza Charolais en Ecuador a través del pedigrí, realizado por Edwin Fernando Lozada Rivadeneira, aspirante a Magíster en Ciencias Veterinarias.



Tannya Verónica Rivadeneira Brito
CI 1400491195

Latacunga, 3 de mayo de 2023

Índice de Contenidos

Introducción	1
Material y Métodos	2
Resultados y discusión	6
Conclusión	17
Agradecimientos	17
Bibliografía	17
Anexos	23

Índice de Figuras

Figura 1 Distribución de las fincas de productores de la raza Charolais en el Ecuador ...	2
Figura 2 Ancestros conocidos de la población histórica y actual en la raza Charolais en Ecuador.....	8
Figura 3 Evolución del coeficiente de consanguinidad, parentesco medio, non-random mating e índice de conservación genética por año en la raza Charolais.....	12
Figura 4 Dendrograma de los 67 hatos basado en la distancia genética de Nei.	15
Figura 5 Dendrograma de los 9 cantones basado en la distancia genética de Nei.....	16
Figura 6 Dendrograma de los 3 países hatos basado en la distancia genética de Nei.	16

Índice de Tablas

Tabla 1	Estructura del pedigrí en la población Charolais en Ecuador.	6
Tabla 2	Estadísticas de la completitud del pedigrí de la raza Charolais en el Ecuador	7
Tabla 3	Intervalos generacionales estimados para cada via de selección para la población total y población de referencia de la raza bovina Charolais.	9
Tabla 4	Ancestros más importantes, contribución marginal y acumulada de genes en la población histórica y actual de la raza Charolais en Ecuador.	10
Tabla 5	Estadísticas del análisis de pedigrí de la población Charolais del Ecuador.	11
Tabla 6	Estadísticas de fijación de Wright y parámetros de heterocigosidad cuando el criterio de subdivisión fueron rebaños, municipios y provincias.	14

Información General

Título del Trabajo de Titulación: Diversidad genética y estructura de la población de la raza Charolais en Ecuador a través del pedigrí

Línea de investigación: Análisis, conservación y aprovechamiento de la biodiversidad local

Proyecto de investigación asociado: Proyecto de investigación - vinculación: Maestría en Ciencias Veterinarias, aportes a la conservación de la biodiversidad y al cumplimiento de los Objetivos de Desarrollo Sostenible y la seguridad alimentaria.

Grupo de Investigación: Biodiversidad y Conservación Animal.

Red nacional e internacional: RED CONBIAND "Conservación de la Biodiversidad de los Animales Domésticos Locales para el Desarrollo Rural Sostenible".

Introducción

La evaluación de la variabilidad genética y el flujo de genes dentro de una población animal es necesaria antes de iniciar programas de selección para establecer un manejo apropiado del acervo genético. La variabilidad genética en una determinada población es fundamental para incrementar el retorno de la selección a corto y largo plazo, así como para fines de conservación. Tradicionalmente el análisis de pedigrí se ha utilizado para la caracterización de la diversidad genética en poblaciones bovinas (1). En razas bovinas se describe el análisis de parámetros tales como el tamaño efectivo de la población, la consanguinidad e intervalo generacional que se pueden estimar utilizando datos de pedigrí (2). Por tanto, esta información podría brindar una base efectiva para el manejo adecuado de los recursos genéticos y de la diversidad en los programas de selección y/o conservación, estrategias de mejoramiento, evolución y/o historia (3-4) de la raza Charolais en el Ecuador.

La raza bovina Charolais registra una mayor población en las provincias de Morona Santiago, Pastaza y Zamora Chinchipe, descendientes de animales importados desde los Estados Unidos antes de la década de los 70 (5), y sumada a las primeras importaciones de genética francesa vía semen en el año 2000 y posteriormente embriones en 2005. En el año 2009 un grupo de ganaderos se organiza y fundan la Asociación Charolais de Morona Santiago la cual fue reconocida a través del acuerdo ministerial 002, con el fin de certificar los animales provenientes de inseminación y de transferencia de embriones (6). La gestión del libro genealógico se apertura en el año 2011, y en 2021 se reconoce oficialmente a nivel nacional a través del acuerdo ministerial 038 como Asociación Charolais del Ecuador (7-8).

En el Ecuador el libro de registros está dividido en dos secciones, Charolais Full Frech (puro Frances-FF) y Purebreed (puros por cruzamientos-PB). Para identificar, garantizar y certificar los reproductores/as FF y PB debido al uso extensivo de las biotecnologías reproductivas la ACHE se emplea pruebas de genotipificación y filiación previo su registro (9). De la misma manera se realizan análisis de asociación de genes con los caracteres de interés económico (10), para garantizar su desarrollo genético. Actualmente existe gran interés de los criadores en el desarrollo de un plan de mejora a largo plazo; para lo cual es necesario conocer los parámetros de diversidad genética y estructura de la población, pero en Ecuador no existen publicaciones relacionada con este tema. El objetivo de este estudio fue evaluar la diversidad y estructura genética de la población Charolais en el Ecuador a través de la información genealógica, esto permitirá establecer estrategias para un manejo adecuado de la diversidad genética.

Material y Métodos

Zona de estudio

La presente investigación se realizó en la región centro sur de la Amazonia ecuatoriana, provincias de Morona Santiago y Pastaza (figura 1). La crianza de la raza se desarrolla entre los 400 y 1900 m.s.n.m. donde se tienen temperaturas de 18 a 26 °C y precipitaciones entre 2000-2500 mm por año (11-12). El sistema utilizado es pastoreo a sogueo con una dieta basada en pasto gramalote (*Axonopus scoparius*) más suplementación mineral. En el manejo reproductivo se utiliza monta controlada, inseminación artificial, superovulación y transferencia de embriones. El programa sanitario incluye el control de ecto y endoparásitos, y la vacunación contra fiebre aftosa, rabia y carbunco (13).

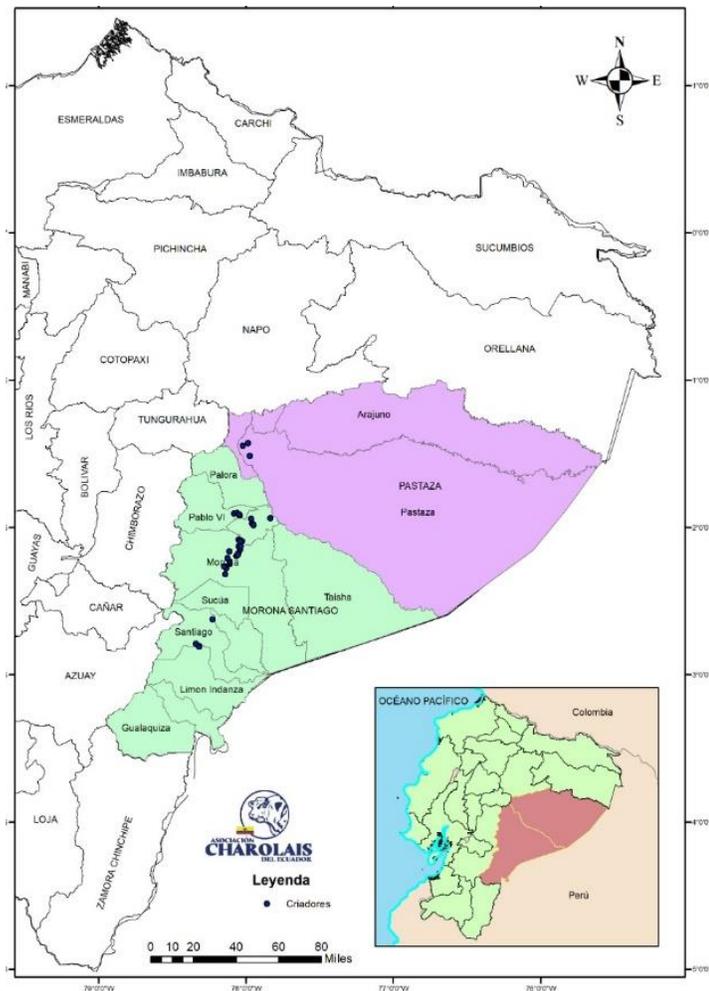


Figura 1 Distribución de las fincas de productores de la raza Charolais en el Ecuador (14)

Datos y edición del pedigrí

Se utilizó la base de datos del programa de gestión de los registros genealógicos (Intertrace v. 1.1.0) de la Asociación Charolais del Ecuador conformada por animales nacidos en Ecuador desde el año 1999 hasta septiembre de 2021. Además, se incluyó la información genealógica de los animales importados. La información de los individuos con la que se contó fue: identificación individual, identificación de padre y madre, sexo, fecha de nacimiento y ubicación geográfica. La base de datos se conformó por 4432 animales, 1185 machos (26.74%) y 3247 hembras (73.26%). La información del pedigrí fue dividida en dos grupos, el primero con la población histórica (toda la población) y el segundo con la población actual (animales nacidos desde 2012), de acuerdo a la metodología de Navas (15). También se consideró una población de referencia constituida por 2006 animales cuyos padres y madres eran conocidos.

Parámetros de diversidad genética

Integridad del pedigrí

El análisis de integridad del pedigrí se realizó a través del número de generaciones completas (GC), máximas (GM) y equivalentes (GE); esta última se estimó mediante la fórmula:

$$E_q G_i = \Sigma \left(\frac{1}{2}\right)^n$$

Donde

n: es el número de generaciones en la cual el animal está separado de cada ancestro con un registro conocido

La comparación entre las generaciones completas y máximas, permitió verificar la integridad de la información del pedigrí ya que valores similares indican la existencia de pocos animales desconocidos dentro del mismo (15-17). Para complementar el análisis se establecieron los porcentajes de ancestros conocidos hasta la quinta generación parental.

Intervalo generacional (IG)

El intervalo generacional definido como la edad promedio de los padres cuando su descendencia nace, y ésta es seleccionada para reproducción (19); se estimó para cuatro vías: padre-hijo, padre-hija, madre-hijo y madre hija.

Parámetros relacionados con el coeficiente de consanguinidad

Coeficiente de Consanguinidad (F)

La consanguinidad es la probabilidad de que dos alelos de un determinado locus sean idénticos por descendencia debido a que provienen de ancestro en común (20). Este coeficiente se estimó a partir del algoritmo desarrollado por Meuwissen (21). Mientras que el incremento de consanguinidad ΔF por generación fue calculado a través de la siguiente ecuación:

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

Donde

F_t y F_{t-1} : Consanguinidad promedio de la generación t^{th} ($i = 1, \dots, t$).

Coeficiente de parentesco medio (AR)

El AR de un animal es la probabilidad de que un alelo seleccionado aleatoriamente de una población pertenezca a ese animal en particular. Este parámetro se interpreta como la representación de un animal en el pedigrí (3,18,22). Este parámetro se calculó usando el vector c , donde cada elemento corresponde al respectivo AR de un animal (23-24), definido como:

$$c' = (1/n)1'A$$

Donde:

A: es la matriz de parentesco.

$n \times n$ del numerador de Wright kinship coefficients (NRM).

1: es un vector de orden $1 \times n$ y el número de animales. El NRM puede ser obtenido desde una matriz P, donde p_{ij} es igual a 1 si j es el padre e i es cero en caso contrario, lo que identifica a los animales parenterales. Por lo tanto:

$$A = (I - 1/2 P') = (I - 1/2 P')^{-1} D$$

Donde

D: es una matriz diagonal con elementos diagonales non-cero, los cuales son obtenidos por: $d_{ii}=1$ si ninguno de los padres es conocido; $d_{ii}=3/4$ si uno de los padres es conocido; y $d_{ii}=1/2$, si ambos padres son conocidos (25).

Tamaño efectivo de la población

Corresponde al número de machos y hembras que contribuyen a la variabilidad genética en una población (26). El cálculo se efectuó mediante la siguiente formula:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

También se estimaron tres valores de N_e adicionales usando el coeficiente de regresión (b) de los coeficientes de consanguinidad individual en: i) el número completo de generaciones, ii) el máximo número de generaciones y iii) el número equivalente de generaciones completas, con el coeficiente de regresión correspondiente al incremento entre las dos generaciones de consanguinidad ($F_n - F_{n-1} = b$) (26):

$$N_e = \frac{1}{2b}$$

Índice de conservación genética (GCI)

El GCI se estima a partir de la contribución genética de todos los fundadores, considerando la proporción de genes de un animal fundador en el pedigrí bajo análisis (27). Para su cálculo se utilizó la siguiente ecuación:

$$GCI = \frac{1}{\sum p_i^2}$$

Donde

p_i : Es la proporción de genes del fundador i en el pedigrí del animal.

Software

El programa utilizado para el análisis de la base de datos fue Endog v. 4.8 (18). Por medio del programa se obtuvieron parámetros de diversidad genética y demográficos descritos anteriormente.

Resultados y discusión

Estructura del pedigrí

La población histórica estuvo conformada por 4432 animales y la población actual por 2769 (tabla 1). En la población actual el número de padres y madres se redujo en un 48% y 29%. El número de animales consanguíneos fue el mismo para las dos poblaciones. Además, se ha reducido de forma considerable el número de animales con padres desconocidos mientras que aquellos con madre desconocida se ha triplicado. Las crías por padre y madre se han reducido en aproximadamente un 50% en la población actual. El número máximo de crías por toro también se ha reducido (70%), mientras que por vaca se ha mantenido. Finalmente, el número de hatos pasó de 73 a 71.

Tabla 1 Estructura del pedigrí en la población Charolais en Ecuador.

Estructura	Población histórica	Población actual
Número de animales	4432	2769
Número de machos	1185	741
Número de hembras	3247	2028
Número de padres	394	205
Número de madres	1426	1013
Relaciones padres/madres	0.28	0.20
Números de animales consanguíneos	155	155
Animales con progenie	1820	654
Animales sin progenie	2612	2116
Animales con padre y madre conocida	2644	2006
Animales con padre desconocido	161	9
Animales con madre desconocida	24	106
Animales sin padre y madre	1603	648
Número de crías por toro	13.89	7.38
Número de crías por vaca	3.84	1.49
Máximo número de crías por toro	100	31
Máximo número de crías por vaca	29	29
Número total de hatos	73	71

Integridad del pedigrí

Para las dos poblaciones evaluadas el número máximo de generaciones trazadas fue de 10. En la población actual se observa que la completitud del pedigrí se incrementó entre un 20.75% a 48.33% entre la primera y la quinta generación. Los parámetros GM, GC y GE presentaron un incremento constante del 30% al comparar las dos poblaciones en estudio (tabla 2).

Tabla 2 Estadísticas de la integridad del pedigrí de la raza Charolais en el Ecuador

Parámetro	Población histórica	Población actual
Tamaño de la población	4432	2769
Número máximo de generaciones, n	10	10
Completitud de la 1 st generación, (padres conocidos)	0,617	0,745
Completitud de la 2 nd generación, (abuelos conocidos)	0,429	0,562
Completitud de la 3 rd generación, (bisabuelos conocidos)	0,269	0,370
Completitud de la 4 th generación, (tatarabuelos conocidos)	0,136	0,197
Completitud de la 5 th generación, (tas tatarabuelos conocidos)	0,060	0,089
Número de generaciones máximas, GM (media±DE)	3.57±3.16	4.68±3.07
Número de generaciones completas, GC (media±DE)	0.84±0.80	1.09±0.82
Número de generaciones equivalentes, GE (media±DE)	1.54±1.32	2.01±1.30

El incremento de las GM está dado porque los animales registrados en el libro FF poseen información genealógica de origen de por lo menos tres generaciones para la vía materna y paterna. Por otro lado, en el libro PB los toros validados poseen por lo menos 5 generaciones de ancestros conocidos (figura 2).

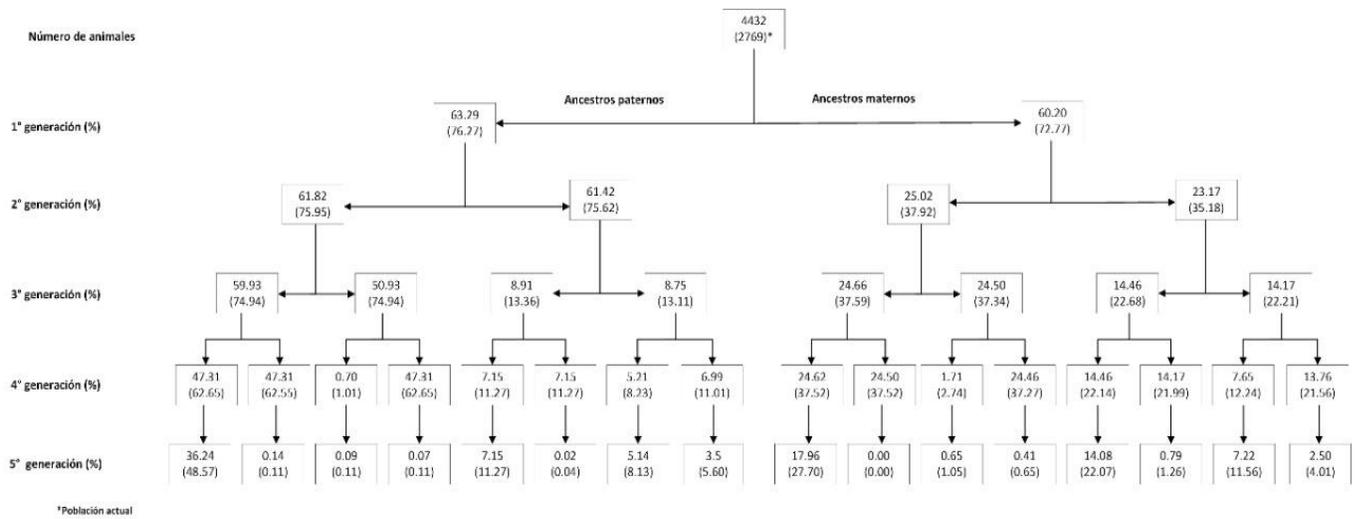


Figura 2 Ancestros conocidos de la población histórica y actual en la raza Charolais en Ecuador.

Los valores de la completitud se reducen en las dos poblaciones analizadas, este efecto también fue observado en la raza Braford en Argentina (28), dado que esta raza también se encontraba en formación.

Intervalo generacional

Los intervalos generacionales de las cuatro vías para las poblaciones histórica y actual se muestran en la tabla 3. El intervalo generacional promedio fue de 8.42 años con una desviación estándar alta de 5.76 años. Este valor es considerado alto para esta raza al compararlo con países europeos (4.6 y 6.7 años) y americanos, como México (6.5 años) (29-30). Valores similares fueron mostrados por la raza Gyr (8.25 años) en Brasil (31).

Tabla 3 Intervalos generacionales estimados para cada vía de selección para la población total y población de referencia de la raza bovina Charolais.

Vía	n	Población histórica, años	n	Población de referencia, años
Padre-hijo	336	6,83±4.45	49	10,46±4.56
Padre-hija	455	12,35±5.08	317	12,64±5.23
Madre-hijo	335	4,22±3.29	49	3,75±1.81
Madre-hija	411	4,11±2.67	296	4,33±2.49
Total	1537	7,17±5.35	711	8,42±5.76

Al comparar la media del intervalo generacional entre las dos poblaciones se produjo un incremento de 1.25 años. La vía padre-hijo fue la de mayor incremento con 3.63 años, seguido de las vías padre-hija con 0.29 años y madre-hija con 0.22 años. Mientras que la vía madre-hijo se redujo en 0.47 años.

Otros estudios muestran un incremento del intervalo generacional en la vía padre-hijo/a asociado al uso de toros con un alto grado de variación en las edades cuando nace su descendencia, como es el caso de la raza Charolais en México (30). Sucede de manera similar en diferentes países (Austria, Suiza, Alemania, Francia, Italia, Estados Unidos y Eslovenia) con la raza Brown Swiss (32).

La popularidad y preferencia toros importados con pruebas de descendencia de alta precisión (con edades mayores a 8 años) ha incrementado el intervalo generacional en la vía padre-hijo. Efecto observado en razas lecheras de Sudáfrica (33) y Brahman en Brasil (34).

Dado que la vía padre-hijo es la de mayor progreso genético, se analizaron los ancestros que explican entre el 25-30% de la variabilidad genética en las dos poblaciones (tabla 4); observando toros influyentes de la década de los 80 y 90. Efecto similar fue reportado en un hato de reproductoras de la raza Angus en Argentina (35). Además, se puede observar que en la población actual se incrementó a 14 ancestros que explican el 25% de la diversidad genética y dentro de estos hubo la presencia de un ancestro más de la década de los 80 y 2 ancestros de la década de los 90 lo cual justifica el incremento en el intervalo generacional en la población en estudio.

Tabla 4 Ancestros más importantes, contribución marginal y acumulada de genes en la población histórica y actual de la raza Charolais en Ecuador.

Población histórica					Población actual				
Ancestro	Sexo	AN*	CM**	CMA***	Ancestro	Sexo	AN*	CM**	CMA***
Jumper	M	1994	4,57	4,57	Jumper	M	1994	4,02	4,02
Lakanal	M	1995	3,10	7,67	Castor	M	2007	2,84	6,86
Castor	M	2007	3,01	10,68	Suedois	M	2001	2,24	9,10
Suedois	M	2001	2,47	13,15	Lakanal	M	1995	2,03	11,13
Ibob	M	1993	2,21	15,36	Artois	M	2005	1,73	12,86
Vladimir	M	1984	2,03	17,39	Novotel	M	1997	1,62	14,49
Novotel	M	1997	1,94	19,32	Magenta	M	1996	1,61	16,10
Rouky	M	2000	1,89	21,21	Rouky	M	2000	1,59	17,69
Artois	M	2005	1,84	23,05	Utopique	M	2003	1,51	19,20
Utopique	M	2003	1,74	24,79	Sidney	M	2001	1,45	20,65
Impair	M	1993	1,69	26,48	Ibob	M	1993	1,33	21,98
Sidney	M	2001	1,48	27,96	Impair	M	1993	1,25	23,23
Exclusif	M	1985	1,28	29,24	Exclusif	M	1985	1,15	24,38
Icare	M	1993	1,00	30,23	Ombrelle	H	1985	1,05	25,43

*Año de nacimiento; ** Contribución marginal; *** Contribución marginal acumulada

En la vía madre hijo/a el intervalo generacional mostró valores entre 3.75-4.33 años en la población actual, siendo este valor menor a las poblaciones de Charolais de México de 6.4-6.5 años (30); de Italia de 7.57-7.81 años (2) y de Irlanda de 5.75-5.64 años (36). Esto se debe a tres factores, el primero, con el objetivo de incrementar de forma acelerada la población FF se ha popularizado el uso de la técnica de superovulación y transferencia de embriones en vaconas menores a 20 meses de edad. El segundo factor, es el mayor uso de machos FF producto de embriones nacionales cuya descendencia se inscriben en los libros de la raza. El último factor que podría influir es la selección de donantes con alta producción de embriones quienes tienen un mayor número de descendientes. Resultados similares fueron reportados en la raza Bosmara (37) y Brahman (38) en Brasil en la que usaban la transferencia de embriones durante la

estructuración e introducción de estas razas. De la misma manera se debe considerar que el uso de las biotecnologías reproductivas no solo reduce el intervalo generacional e incrementa la ganancia genética sino puede tener efectos negativos en la diversidad genética de las poblaciones (39).

Parámetros relacionados con el coeficiente de consanguinidad (F, ΔF , ΔR , C, α , GCI y Ne)

El promedio de la consanguinidad en las poblaciones histórica y actual fue de 0.08% y 0.14%, respectivamente (tabla 5). En la población actual el 5.60% de los animales fueron consanguíneos. En cuanto a ΔR se obtuvieron valores de 0.57% para la población histórica y 0.72% para la actual. El coeficiente de coancestría, C, se incrementó y el apareamiento no aleatorio, α disminuyó en la población actual. El índice de conservación genética para la población histórica y actual fue de 3.31 y 4.19, respectivamente.

Tabla 5 Estadísticas del análisis de pedigrí de la población Charolais del Ecuador.

Parámetro	Población histórica (4432)	Población actual (2769)
Coefficiente de consanguinidad, (F, %)	0.08	0.14
Promedio individual del incremento de la consanguinidad, (ΔF ,%)	0.027	0.044
Coefficiente de consanguinidad máximo, (%)	0.25	0.25
Animales consanguíneos (%)	3.50	5.60
Animales altamente consanguíneos, (%) $\geq 10\%$	25	40
Promedio del coeficiente de coancestría, (C,%)	0.28	0.36
Promedio del coeficiente de parentesco medio, (ΔR ,%)	0.57	0.72
Apareamiento no aleatorio, (α)	-0.0020	-0.0023
Índice de conservación genética (GCI)	3.31	4.19

En la figura 3 se muestra la evolución de los parámetros de diversidad genética por año de nacimiento. El valor promedio de consanguinidad de la población actual, es superior al publicado para esta misma población en el período 2009-2016 (14). Además, a partir del año 2011, los valores de F se incrementan de forma general, aunque con decrecimientos en los años 2012-2013 y 2017-2018. A partir del año 2018 se observa un incremento constante llegando al año 2021 a un valor de 0.31%. Este comportamiento se debe al nacimiento y registro de un mayor número de animales FF emparentados provenientes de embriones importados desde Francia. La

consanguinidad encontrada no es considerada como un problema según las recomendaciones de FAO (40). Valores similares han sido reportados en otras razas como Braford (0.04%) en Argentina (28).

Los valores de ΔR de las poblaciones estudiadas fueron superiores a los valores de F (figura 3), indicando una estimación inadecuada de este parámetro, sumado a los resultados del índice de completitud del pedigrí indicados en la tabla 2. Por tanto, los parámetros de F y ΔR podrían estar subestimados en este estudio. Resultados similares han sido publicados por (28) para la raza Brangus en Argentina y en la raza Curraleiro Pé Duro en Brasil (41).

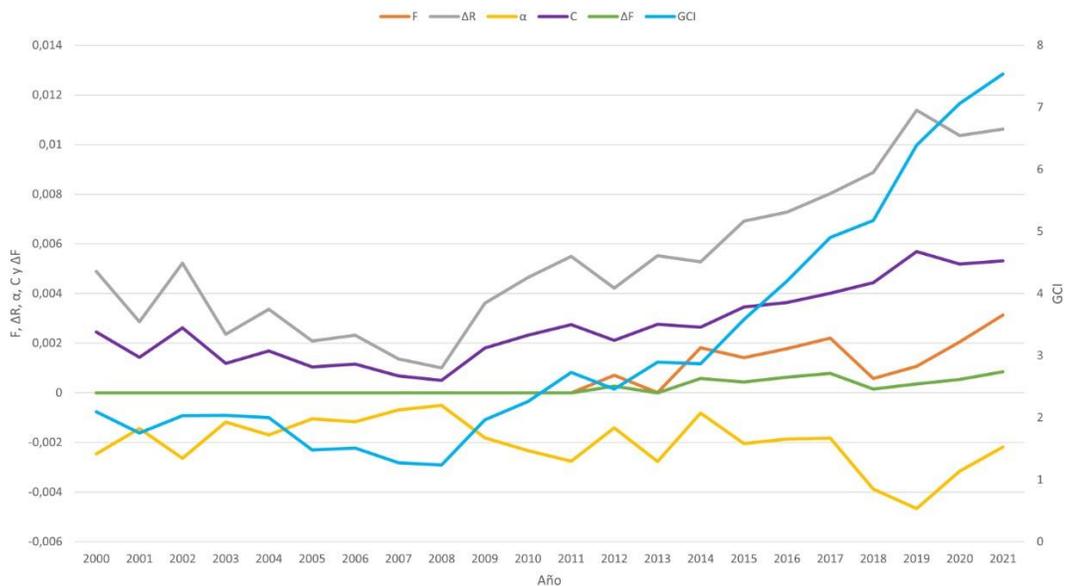


Figura 3 Evolución del coeficiente de consanguinidad, parentesco medio, non-random mating e índice de conservación genética por año en la raza Charolais.

El N_e evalúa los cambios en la variabilidad genética en el tiempo en razas con pedigrí incompleto o en aquellas poblaciones bovinas que mantienen el libro genealógico abierto (42), para el caso de la raza en estudio el N_e estimado a partir del incremento de la consanguinidad de 567.12 fue superior al N_e a partir de la regresión de las generaciones equivalentes de 189.80. Esto indica que N_e podría estar sobreestimado por una subestimación de la consanguinidad real como lo ha demostrado en la raza Brangus argentina en la que al realizar montas colectivas se tenían muchos individuos con padres no identificados (28). Mientras que en la raza Charolais del Ecuador puede deberse al registro de animales iniciales (con uno o dos padres desconocidos) en el periodo evaluado.

Por otro lado, los valores de N_e encontrados son superiores a los publicados por Mc Parland (36) para las razas Hereford (64), Simmental (127) y Holstein Friesian (75).

Además dentro de la misma raza Charolais en Italia se encontraron valores menores de 91.60 y 90.29 (2,43) respectivamente. En tanto que, en la población Charolais de México el N_e estimado fue 233.2 para el periodo 2014-2018, valor muy superior al encontrado en este estudio. Comportamiento relacionado a que la proporción de ancestros conocidos entre la primera y quinta estuvieron en un rango de 0.57-0.99 y las generaciones equivalentes entre 4.76-7.86, para el periodo 1984-2018 (30).

Los valores del índice de conservación genética (ICG) de la primera y segunda generación muestran valores entre 0.43-0.56 y 0.62-0.75, respectivamente; coincidiendo con el inicio de la gestión de los registros genealógicos por parte de ACHE. Un valor del ICG superior a 0.6 indica que se dispone de información suficiente para tener confiabilidad en las estimaciones de la consanguinidad según el criterio de Fabri et al (44). Cabe mencionar que los valores de ICG en todas las generaciones fueron menores a lo publicados en razas como Jersey y Holstein Friesian en Canadá (45) y en la raza Charolais y Romosinuano en México (30,46). A pesar de esto se observa un crecimiento en la población actual de un 0.1 en cada generación.

El tamaño efectivo de la población (N_e) estimado a partir del incremento de la consanguinidad en los individuos de la población de referencia fue de 537.38 y a partir de la regresión de las generaciones equivalentes fue de 193.71. Estos valores son superiores al mínimo de 50 individuos considerado como crítico según la FAO (40).

Relaciones entre hatos, cantones, provincias y países

Se consideraron 67 hatos, 9 cantones, 2 provincias y 3 países como criterios de subdivisión. Los parámetros de Wright para la población total (F_{IT}) fueron de -0.002322, -0.002329, -0.002328; y de F relativo a las subpoblaciones (F_{IS}) de -0.023134, -0.005770, -0.003015 y -0.002614, respectivamente. Mientras que la correlación F_{ST} fue de 0.02034, 0.003421, 0.000685 y 0.000610, como se muestra en la tabla 6. Los valores de F_{IS} negativos indican que el promedio de la coancestría es mayor a la consanguinidad en las subpoblaciones (32). Además tanto F_{IS} y F_{IT} indican una alta frecuencia de heterocigotos (valores negativos), efecto similar a la raza Braford en Sudamérica (47) y razas en procesos de conservación como, la Lageana y Curraleiro Pe Duro (41, 48). Por otro lado, F_{ST} indica la diferencia en las frecuencias alélicas entre subpoblaciones que, en este caso, fueron demasiado bajos para considerar una diferenciación entre ellas; tal y como lo encontrado en la raza Braford (47).

Tabla 6 Estadísticas de fijación de Wright y parámetros de Heterocigosidad cuando el criterio de subdivisión fueron rebaños, municipios y provincias.

Parámetros	Criadores	Cantón	Provincia	País
Subpoblaciones *	67	8	2	3
Fis (Coeficiente de consanguinidad relativo a subpoblaciones)	-0,02313	-0,00540	-0.003015	-0.002614
Fsr (Correlación entre gametos aleatorios extraídos de la población total relativa de la subpoblación)	0,02034	0,00301	0,00069	0,00061
Frr (Coeficiente de consanguinidad relativo a población total)	-0,00232	-0,00230	-0,00233	-0,00200
Consanguinidad media dentro de las subpoblaciones	0,00100	0,00100	0,00100	0,00085
Número medio de animales por subpoblación	66,15	554,00	2216,00	1477,33
Coancestría media entre las subpoblaciones	0,02358	0,00632	0,00400	0,00345
* Las subpoblaciones se pueden determinar si los rebaños están agrupados en diferentes grupos				

El análisis de la estructura a nivel de hato, cantón y país indicó que estos no podrían considerarse como núcleos poblacionales debido al uso de machos importados y propios entre hatos, es decir, no hay ningún tipo de aislamiento. Del total de hatos (multiplicadores y comerciales) solamente 13 utilizaron machos propios. Los dendrogramas basados en la distancia genética de Nei a nivel de hato, cantón y país se muestran en las figuras 4-6. El rango de la distancia de Nei fue de 0.0065-0.4355 en el nivel rebaño. Los cantones con mayor distanciamiento fueron Palora y San Juan Bosco con 0.026; la menor distancia (0.00152) fue entre Morona y Huamboya, todos cantones de la provincia de Morona Santiago.

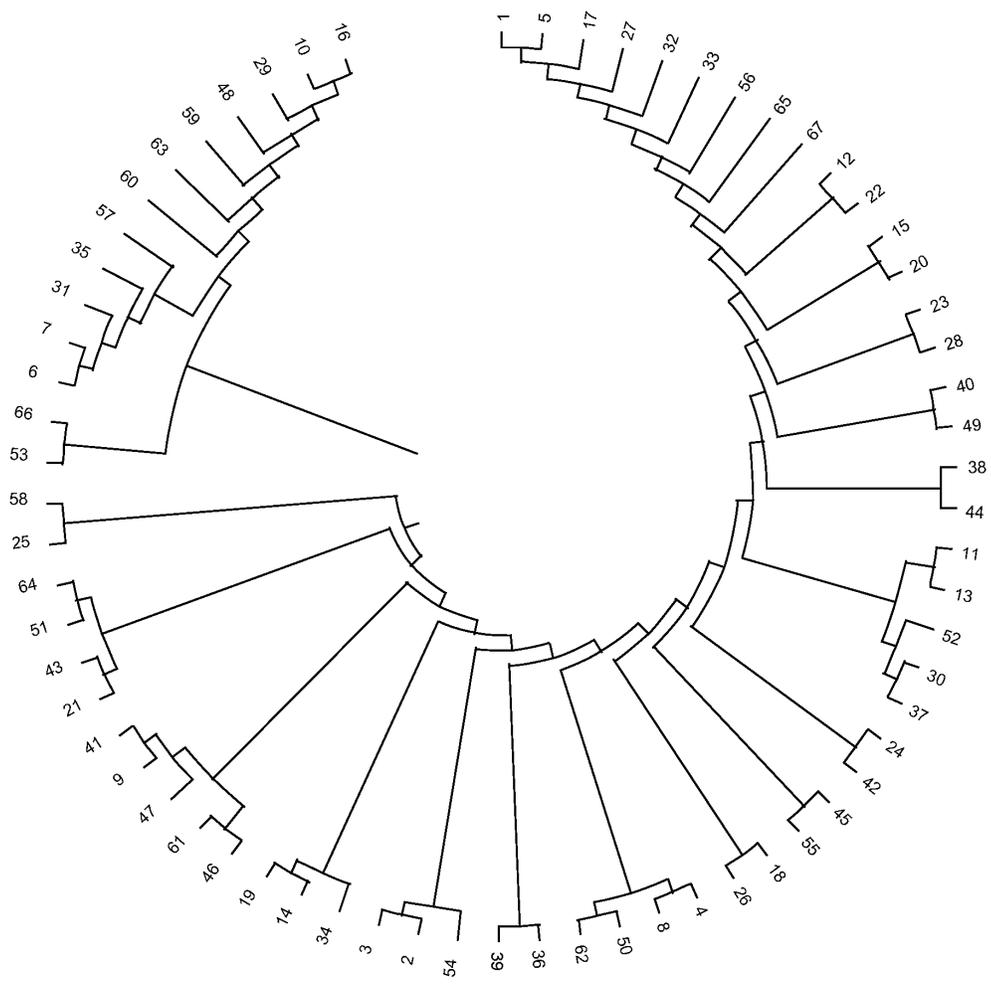


Figura 4 Dendrograma de los 67 hatos basado en la distancia genética de Nei.

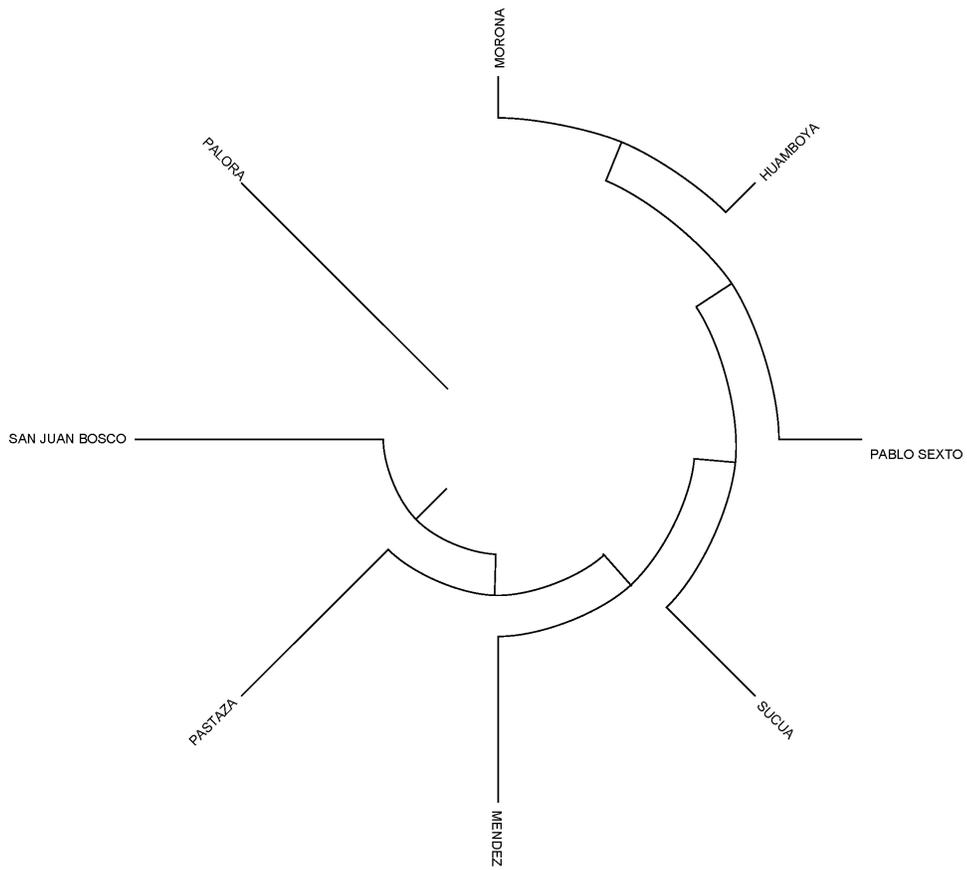


Figura 5 Dendrograma de los 9 cantones basado en la distancia genética de Nei.

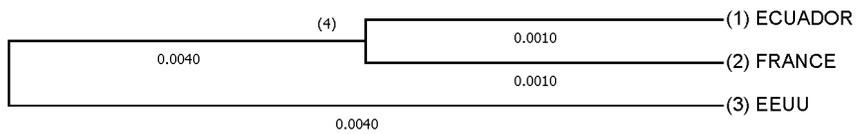


Figura 6 Dendrograma de los 3 países hatos basado en la distancia genética de Nei.

Conclusión

La raza Charolais en el Ecuador se encuentra en proceso de establecimiento, su diversidad y estructura genética coincide con comportamientos descritos en otros países, el intervalo generacional de $8,42 \pm 5.76$ años es acorde al uso de toros con pruebas de progenie por inseminación artificial, el índice de Conservación Genética ha incrementado en 0.1 cada generación por lo que se considera una población joven y en crecimiento desde el punto de vista genético.

El control de filiación mediante técnicas moleculares previo al registro, junto al uso de biotecnologías reproductivas han influenciado directamente en la calidad de la información genealógica, esto permite a la asociación disponer de herramientas fiables para la gestión de la población y diseño del programa de mejora.

Agradecimientos

Los autores agradecen a la Asociación Charolais del Ecuador por la cesión de la base de datos de los registros genealógicos. A la Universidad Técnica de Cotopaxi y al programa de Maestría en Ciencias Veterinarias. De la misma manera a los estudiantes de Biología de la Universidad Estatal Amazónica Sede Lago Agrio por su apoyo en la edición y complementación de la base de datos. Este proyecto ha sido financiado de forma personal por los autores.

Bibliografía

1. Vozzi PA, Marcondes CRDUMC, Antonio L, Bezerra F, Bezerra F. Structure and genetic variability in Nelore (*Bos indicus*) cattle by pedigreeanalysis. *Genetics and Molecular Biology*. 2006; 29(3): p. 482-485.
2. De Rezende M, Malhado CHM, Biffani S, Souza PL, Bozzi R. Genetic diversity derived from pedigree information and estimation of genetic parameters for reproductive traits of Limousine and Charolais cattle raised in Italy. *Italian Journal of Animal Science*. 2020;(19): p. 762 - 771.
3. Gutierrez JP, Altarriba J, Díaz C, Quintanilla R, Cañón J, Piedrafita J. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*. 2003;(35): p. 43-63.

4. Carneiro PLS, Malhado CHM, Euclides RF, Carnero APS, Cunha EE. Inbreeding, alleles fixation and selection limit in populations under traditional or marker assisted selection methods. *Revista Brasileira de Zootecnia*. 2017; 36(36).
5. DOW K. La Ganadería de carne en el Ecuador. 1st ed. Quito: Departamento de comunicación del INIAP.; 1975.
6. MAG. Acuerdo ministerial 02: Aprobar el estatuto y personería jurídica de la Asociación Charolais de Morona Santiago..
7. MAG. Acuerdo Ministerial 038: Autorizar a la Asociación Charolais de Morona Santiago la gestión de los registros genealógicos de la raza bovina Charolais..
8. MAG. Cambio de nomenclatura a Asociación Charolais del Ecuador. Archivo Institucional.
9. Williams JL, Usha AP, Urquhart BG, Kilroy M. Verification of the identity of bovine semen using DNA microsatellite markers. *The Veterinary Record*. 1997;(140): p. 446-449.
10. Keogh K, McCarthy TR, McClure MC, Waters SM, Kenny DA. 2021. Genome-wide association study of economically important traits in Charolais and Limousin beef cows. *Animal*. ;(15, 100011.).
11. GADPMS. Actualización del diagnóstico del PODT del GAD provincial Morona Santiago. Archivo Institucional.
12. GADMM. Plan de Desarrollo y Ordenamiento territorial del Cantón Morona..
13. AGROCALIDAD. Fiebre aftosa en el Ecuador. [Online]; 2021. Acceso 12 de 12 de 2021. Disponible en: <https://www.agrocalidad.gob.ec/FiebreAftosa/>.
14. ZAPATA C. Determinación de la consanguinidad y diversidad genética mediante el uso del pedigrí de la población bovina registrada en la Asociación Charolais de Morona Santiago. Facultad de Ciencias de la Salud.
15. Navas FJ, J. J, León JM, Barba C, Delgado JV. A model to infer the demographic structure evolution of endangered donkey populations. *Animal*. 2017;(11): p. 2129-2138.
16. Boichard D, Maignel L, Verrier E. Pedigree analysis of the French dairy cattle breeds. *Productions Animales*. 1996;(9): p. 323-335.

17. Boichard D, Maignel L, Verrier E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet Sel Evol.* 1997;(29, 5-23.).
18. Gutiérrez JP, Goyache F. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics.* 2005;(122, 172-176.).
19. Falconer DS, Mackay TFC. *Introduction to Quantitative Genetics.* 4th ed. Harlow: Addison Wesley Longman; 1996.
20. Wrigth S. Coefficients of inbreeding and relationship. *American Society of Naturalists.* 1922;(56, 330-338.).
21. Meueissen T, Luo Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet Sel Evol.* 1992;; p. 305-313.
22. Goyache F, Gutiérrez JP, Fernández I, Gómez E, Álvarez I,DJ, Royo J. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.* 2003;(9).
23. Goyache F, Gutiérrez JP, Fernández I, Gómez E, Álvarez I,DJ, Royo J2. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.* ;(95).
24. Gutiérrez JP, Cañon J, Rico M. Aplicación de un método modificado de calculo del coeficiente de consanguinidad en una muestra del ganado vacuno Frison Español. *Archivos de Zootecnia.* 1990;(3-8.).
25. Quass RL. Computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix. *Biometrics.* 1976;(949-953.).
26. Gutiérrez JP, Cervantez I, Molina A, Valera M, GOYACHE F. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. *Genetics Selection Evolution.* 2008;(40, 359-378.).
27. Alderson GLH. A system to maximize the maintenance of genetic variability in small populations Alderson G, editor. Wallingford; 1992.
28. Macor L. Evaluación de la variabilidad genética mediante el número efectivo en Brafrod Argentino. Master, Universidad Politecnica de Valencia.
29. Bouquet A, Venot E, Laloe D, Forabosco F, Fogh A, Pabiou T, et al. Genetic structure of the European Charolais and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses. *J Anim Sci.* 2011;(89, 1719).

30. Ríos-Utrera A, Montano-Bermúdez M, Vega-Murillo VE, Martínez-Velázquez G, Baeza-Rodríguez JJ, Román-Ponce SI. Genetic diversity evolution in the Mexican Charolais cattle population.. *Anim Biosci.* 2021;(34, 1116-1122.).
31. Reis Filho JC, Sávio Lopes P, Da Silva Verneque R, de Almeida Torres R, Teodoro RL, Souza Carneiro PL. Population structure of Brazilian Gyr dairy cattle.. *R. Bras. Zootec.* 2010;(30, 2640-2645.).
32. Gebremariam W. Characterization of the global Brown Swiss cattle population structure.. Degree Master in Animal Science, Swedish University of Agricultural Sciences.
33. Maiwashe A, Nephawe KA, Van Der Westhuizen RR, Mostert BE, Theron HE. Rate of inbreeding and effective population size in four major South African dairy cattle breeds. *South African Journal of Animal Science.* 2006;(36, 50-57.).
34. Cavani L, Silva RMDO, Carreño LOD, Ono RK, Bertipaglia TS, Farah MM, et al. Genetic diversity of Brazilian Brahman cattle by pedigree analysis.. *Pesquisa Agropecuária Brasileira.* 2018;(53, 74-79.).
35. Corva PM, Colavita MI, Legaz G, Martinez M. Genealogical and molecular analysis of an Argentinean Angus seedstock herd.. *BAG, J. basic appl. genet.* 2015;(26, 17-28.).
36. McParland S, Kearney JF, Rath M, Berry DP. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *J Anim Sci.* 2007;(85, 322-31.).
37. Santana ML, JR. Oliveira PS, Eler JP, Gutiérrez JP, Ferraz JB. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. *J Anim Sci.* 2012;(90, 99-108.).
38. Santana ML, Pereira RJ, Bignardi AB, Ayres DR, Menezes GRO, Silva LOC, et al. Structure and genetic diversity of Brazilian Zebu cattle breeds assessed by pedigree analysis. *Livestock Science.* 2016;(187, 6-15).
39. Doublet AC, Restoux G, Fritz S, Balberini L, Fayolle G, Hoze C, et al. Intensified Use of Reproductive Technologies and Reduced Dimensions of Breeding Schemes Put Genetic Diversity at Risk in Dairy Cattle Breeds. *Animals (Basel).* 2020;(10).
40. FAO. Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Management of Small Populations at Risk. FAO, Rome, Italy..

41. Ribeiro NL, Medeiros GR, Nascimento , G. V. A, G. JK, Ribeiro MN. Analysis of the population structure of a cattle conservation nucleus Curraleiro Pé Duro. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, 2021;(73, 231-238.).
42. Bongiorno F. Tamaño efectivo por subdivisión en los rodeos del núcleo selectivo de una raza.. Universidad de Buenos Aires. 2014.
43. Fabbri MC, De Rezende MPG, Dadousis C, Biffani S, Negrini R, Carneiro PLS, et al. Population Structure and Genetic Diversity of Italian Beef Breeds as a Tool for Planning Conservation and Selection Strategies.. *Animals*,. 2019;(9, 15).
44. Maccluer J, Boyce , A. DB, Weitkamp L, Pfennig D, Parsons C. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses.. *The Journal of Heredity*. 1983;(344-349.).
45. Stachowicz K, Sargolzaei M, Miglior F, Schenkel FS. Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle.. *J Dairy Sci*. 2011;(94, 5160-75.).
46. Hidalgo J, Cesarani A, Garcia A, Sumreddee P, Larios N, Mancin E, et al. Genetic Background and Inbreeding Depression in Romosinuano Cattle Breed in Mexico. *Animals*. 2021;(11, 20.).
47. González ARM, Navas González FJ, Crudeli GÁ, Delgado Bermejo JV, Camacho Vallejo ME, Quirino CR. Process of Introduction of Australian Braford Cattle to South America: Configuration of Population Structure and Genetic Diversity. 2022.
48. Pezzini T, Mariante AS, Martins E, Paiva S, Seixas L, Costa JBG, et al. Population structure of Brazilian Crioula Lageana cattle (*Bos taurus*) breed. *Revista Colombiana De Ciencias Pecuarias*. 2018;(31, 93-102.).
49. CAVANI L,SRMDO,CLOD,ORK,BTS,FMM,MDD&FRD. Genetic diversity of Brazilian Brahman cattle by pedigree analysis.. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 2018;(53, 74-79.).

Anexos

- 1 Artículo/Article
- 2 Nota corta/Short note
- 3 Revisión/Revisión
- 4 Carta al Editor/Letter to the Editor
- 5 In Memoriam



6

7 Elija un área/Choose an area.

8

9 Diversidad genética y estructura de la población de la raza 10 Charolais en Ecuador a través del pedigrí

11 Lozada, E. ^{1,2}; Chacón, E. ²; Sambache, E. ³; Revelo M. ⁴; Gutiérrez-Reinoso M.A.^{2,5}; Delgado, J.V. ⁶;
12 Cartuche, L.F.^{1,6}; Navas F.J. ^{6@}

13

¹Asociación Charolais del Ecuador.

14

²Maestría en Ciencias Veterinarias. Universidad Técnica de Cotopaxi. Cotopaxi. Ecuador.

15

³Carrera de Medicina Veterinaria. Universidad Estatal de Bolívar. Bolívar. Ecuador.

16

⁴Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Central del Ecuador. Quito. Ecuador.

17

⁵Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción. Chillán. Chile.

18

⁶Departamento de Genética. Universidad de Córdoba. Córdoba. España.

19

20 @e-mail de correspondencia/Correspondence Email: edwin.lozada3445@utc.edu.ec

21

22

23 Resumen

24 La evaluación de la diversidad genética y el flujo de genes a través de información genealógica de una
25 población es necesaria en los programas de selección genética. Por tanto, el objetivo del estudio fue
26 evaluar la diversidad y estructura genética de la población Charolais en el Ecuador. Se utilizaron tres
27 grupos de datos, la población histórica, población actual y la población de referencia. La información de
28 cada animal incluyó nombre y número de registro propio, del padre, la madre y fecha de nacimiento.
29 Los parámetros evaluados fueron la completitud del pedigrí, intervalo generacional, consanguinidad,
30 parentesco medio, incremento de consanguinidad y tamaño efectivo de la población. Para el
31 procesamiento de los datos se utilizó el programa ENDOG. La completitud del pedigrí disminuyó de
32 forma considerable a partir de la segunda generación en ambas poblaciones, aunque la primera
33 generación mostró valores de 0.617 y 0.745. El intervalo generacional promedio fue de 7.17 años para
34 la población histórica y 8.42 años para la actual. La vía padre fue superior a la materna en ambas
35 poblaciones. Los valores de consanguinidad fueron de 0.08% y 0.14%, respectivamente. El Ne fue de
36 537.38. La raza Charolais en el Ecuador se encuentra en proceso de establecimiento, pudiéndose
37 considerarse una población joven desde el punto de genético. El uso de biotecnologías reproductivas ha
38 influenciado directamente en la calidad de la información genealógica sumado al control en los registros
39 de animales nuevos, lo que permitirá a la asociación disponer de herramientas fiables para la gestión de
40 la población.

41

42

43 **Summary**

44

45 The evaluation of genetic diversity and gene flow through genealogical information of a population is
46 necessary in genetic improvement programs. The objective of the study was to evaluate the diversity and
47 genetic structure of the Charolais population in Ecuador. Three groups of data were used, the historical
48 population, current population and the reference population. The information for each animal included
49 its own name and registration number, the father's, mother's, and date of birth. The parameters evaluated
50 were the completeness of the pedigree, generation interval, consanguinity, mean relationship, increase
51 in consanguinity and effective population size. For data processing, the ENDOG program was used. The
52 completeness of the pedigree decreased considerably from the second generation in both populations,
53 although the first generation showed values of 0.617 and 0.745. The average generation interval was
54 7.17 years for the historical population and 8.42 years for the current one. The father pathway was
55 superior to the maternal pathway in both populations. The consanguinity values were 0.08% and 0.14%,
56 respectively. The Charolais breed in Ecuador is in the process of being established, and can be considered
57 a young population from the genetic point of view. The use of reproductive biotechnologies has directly
58 influenced the quality of the genealogical information added to the control in the records of new animals,
59 which will allow the association to have reliable tools for population management.

60 **Introducción**

61 La evaluación de la variabilidad genética y el flujo de genes dentro de una población animal es necesaria
62 antes de iniciar programas de selección para establecer un manejo apropiado del acervo genético. La
63 variabilidad genética en una determinada población es fundamental para incrementar el retorno de la
64 selección a corto y largo plazo, así como para fines de conservación (Souza et al., 2017).
65 Tradicionalmente el análisis de pedigrí se ha utilizado para la caracterización de la diversidad genética
66 en poblaciones bovinas (Vozzi et al., 2006). En razas bovinas se describe el análisis de parámetros tales
67 como el tamaño efectivo de la población, la consanguinidad e intervalo generacional que se pueden
68 estimar utilizando datos de pedigrí (de Rezende et al., 2020). Por tanto, esta información podría brindar
69 una base efectiva para el manejo adecuado de los recursos genéticos y de la diversidad en los programas
70 de selección y/o conservación, estrategias de mejoramiento, evolución y/o historia (Gutierrez et al.,
71 2003, Carneiro et al., 2017) de la raza Charolais en el Ecuador.

72 La raza bovina Charolais registra una mayor población en las provincias de Morona Santiago, Pastaza y
73 Zamora Chinchipe, descendientes de animales importados desde los Estados Unidos antes de la década
74 de los 70 (Dow, 1975) y sumada a las primeras importaciones de genética francesa via semen en el año
75 2000 y posteriormente embriones en 2005. En el año 2009 un grupo de ganaderos se organiza y fundan
76 la Asociación Charolais de Morona Santiago la cual fue reconocida a través del acuerdo ministerial 002,
77 con el fin de certificar los animales provenientes de inseminación y de transferencia de embriones
78 (MAG, 2009). La gestión del libro genealógico se apertura en el año 2011, y en 2021 se reconoce
79 oficialmente a nivel nacional a través del acuerdo ministerial 038 como Asociación Charolais del
80 Ecuador (ACHE) (MAG, 2021a, MAG, 2021b)

81 En el Ecuador el libro de registros está dividido en dos partes, Charolais Full Frech (puro Frances-FF) y
82 Purebreed (puros por cruzamientos-PB). Para identificar, garantizar y certificar los reproductores/as FF
83 y PB se emplea pruebas de genotipificación y filiación previo su registro (Williams et al., 1997). Por
84 ello y debido al uso extensivo de las biotecnologías reproductivas la ACHE las emplea. De la misma
85 manera se realizan análisis de asociación de genes con los caracteres de interés económico (Keogh et
86 al., 2021) para garantizar su desarrollo genético.

87 Actualmente existe gran interés de los criadores en el desarrollo de un plan de mejora a largo plazo; para
88 lo cual es necesario conocer los parámetros de diversidad genética y estructura de la población. pero en
89 Ecuador no existen publicaciones relacionada con este tema. El objetivo de este estudio fue evaluar la
90 diversidad y estructura genética de la población Charolais en el Ecuador a través de la información
91 genealógica, esto permitirá establecer estrategias para un manejo adecuado de la diversidad genética.

92 **Material y Métodos**

93 **Zona de estudio**

94 La presente investigación se realizó en la región centro sur de la Amazonia ecuatoriana, provincias de
95 Morona Santiago y Pastaza (figura 1). La crianza de la raza se desarrolla entre los 400 y 1900 m.s.n.m.
96 donde se tienen temperaturas de 18 a 26 °C y precipitaciones entre 2000-2500 mm por año (GADPMS,
97 2011, GADMM, 2019). El sistema utilizado es pastoreo a sogueo con una dieta basada en pasto
98 gramalote (*Axonopus scoparius*) más suplementación mineral. En el manejo reproductivo se utiliza
99 monta controlada, inseminación artificial, multiovulación y transferencia de embriones. El programa
100 sanitario incluye el control de ecto y endoparásitos, y la vacunación contra fiebre aftosa, rabia y carbunco
101 (AGROCALIDAD, 2021).

102

103 Figura 1 Distribución de las fincas de productores de la raza Charolais en el Ecuador

104

105 **Datos y edición del pedigrí**

106 Se utilizó la base de datos del programa de gestión de los registros genealógicos (Intertrace v. 1.1.0) de
107 la Asociación Charolais del Ecuador conformada por animales nacidos en Ecuador desde el año 1999
108 hasta septiembre de 2021. Además, se incluyó la información genealógica de los animales importados.
109 La información de los individuos con la que se contó fue: identificación individual, identificación de
110 padre y madre, sexo, fecha de nacimiento y ubicación geográfica. La base de datos se conformó por
111 4432 animales, 1185 machos (26.74%) y 3247 hembras (73.26%). La información del pedigrí fue
112 dividida en dos grupos, el primero con la población histórica (toda la población) y el segundo con la
113 población actual (animales nacidos desde 2012), de acuerdo a la metodología de (Navas et al., 2017).
114 También se consideró una población de referencia constituida por 2006 animales cuyos padres y madres
115 eran conocidos.

116 **Parámetros de diversidad genética**

117 **Integridad del pedigrí**

118 El análisis de integridad del pedigrí se realizó a través del número de generaciones completas (GC),
119 máximas (GM) y equivalentes (GE); esta última se estimó mediante la fórmula:

$$120 \quad E_q G_i = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^n$$

121 Donde

122 n: es el número de generaciones en la cual el animal está separado de cada ancestro con un
123 registro conocido

124 La comparación entre las generaciones completas y máximas, permitió verificar la integridad de la
125 información del pedigrí ya que valores similares indican la existencia de pocos animales desconocidos
126 dentro del mismo (Boichard et al., 1996, Boichard et al., 1997, Gutierrez and Goyache, 2005). Para
127 complementar el análisis se establecieron los porcentajes de ancestros conocidos hasta la quinta
128 generación parental.

129 **Intervalo generacional (IG)**

130 El intervalo generacional definido como la edad promedio de los padres cuando su descendencia nace,
131 y ésta es seleccionada para reproducción (Falconer and Mackay, 1996); se estimó para cuatro vías: padre-
132 hijo, padre-hija, madre-hijo y madre hija.

133 **Parámetros relacionados con el coeficiente de consanguinidad**

134 **Coefficiente de Consanguinidad (F)**

135 La consanguinidad es la probabilidad de que dos alelos de un determinado locus sean idénticos por
136 descendencia debido a que provienen de ancestro en común (Wright, 1922). Este coeficiente se estimó
137 a partir del algoritmo desarrollado por (Meuwissen and Luo, 1992). Mientras que el incremento de
138 consanguinidad ΔF por generación fue calculado a través de la siguiente ecuación:

$$139 \quad \Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

140 Donde

141 F_i y F_{t-1} : Consanguinidad promedio de la generación t^{th} ($i = 1, \dots, t$).

142 **Coefficiente de parentesco medio (AR)**

143 El AR de un animal es la probabilidad de que un alelo seleccionado aleatoriamente de una población
144 pertenezca a ese animal en particular. Este parámetro se interpreta como la representación de un animal
145 en el pedigrí (Goyache et al., 2003, Gutierrez et al., 2003, Gutierrez and Goyache, 2005). Este parámetro
146 se calculó usando el vector c , donde cada elemento corresponde al respectivo AR de un animal (Gutierrez
147 et al., 1990), definido como:

$$148 \quad c' = \left(\frac{1}{n}\right)1'A$$

149 Donde:

150 A : es la matriz de parentesco.

151 $n \times n$ del numerador de Wright kinship coefficients (NRM).

152 1 : es un vector de orden $1 \times n$ y el número de animales. El NRM puede ser obtenido desde una matriz P ,
153 donde p_{ij} es igual a 1 si j es el padre e i es cero en caso contrario, lo que identifica a los animales
154 parenterales. Por lo tanto:

$$155 \quad A = (I - \frac{1}{2}P') = (I - \frac{1}{2}P')^{-1}D$$

156 Donde

157 D : es una matriz diagonal con elementos diagonales non-cero, los cuales son obtenidos por: $d_{ii}=1$ si
158 ninguno de los padres es conocido; $d_{ii}=3/4$ si uno de los padres es conocido; y $d_{ii}=1/2$, si ambos padres son
159 conocidos (Quaas, 1976).

160 **Tamaño efectivo de la población**

161 Corresponde al número de machos y hembras que contribuyen a la variabilidad genética en una
162 población (Gutierrez et al., 2008). El cálculo se efectuó mediante la siguiente formula:

163
$$N_e = \frac{1}{2\Delta F}$$

164 También se estimaron tres valores de N_e adicionales usando el coeficiente de regresión (b) de los
165 coeficientes de consanguinidad individual en: i) el número completo de generaciones, ii) el máximo
166 número de generaciones y iii) el número equivalente de generaciones completas, con el coeficiente de
167 regresión correspondiente al incremento entre las dos generaciones de consanguinidad ($F_n - F_{n-1} = b$;
168 (Gutierrez et al., 2008):

169
$$N_e = \frac{1}{2b}$$

170

171 **Índice de conservación genética (GCI)**

172 El GCI se estima a partir de la contribución genética de todos los fundadores, considerando la proporción
173 de genes de un animal fundador en el pedigrí bajo análisis (Alderson, 1992). Para su cálculo se utilizó
174 la siguiente ecuación:

175
$$GCI = \frac{1}{\sum p_i^2}$$

176 Donde

177 p_i : Es la proporción de genes del fundador i en el pedigrí del animal.

178 **Software**

179 El programa utilizado para el análisis de la base de datos fue Endog v. 4.8 (Gutierrez and Goyache,
180 2005). Por medio del programa se obtuvieron parámetros de diversidad genética y demográficos
181 descritos anteriormente.

182 **Resultados y discusión**

183 **Estructura del pedigrí**

184 La población histórica estuvo conformada por 4432 animales y la población actual por 2769 (tabla 1).
185 En la población actual el número de padres y madres se redujo en un 48% y 29%. El número de animales
186 consanguíneos fue el mismo para las dos poblaciones. Además, se ha reducido de forma considerable el
187 número de animales con padres desconocidos mientras que aquellos con madre desconocida se ha
188 triplicado. Las crías por padre y madre se han reducido en aproximadamente un 50% en la población
189 actual. El número máximo de crías por toro también se ha reducido (70%), mientras que por vaca se ha
190 mantenido. Finalmente, el número de hatos pasó de 73 a 71.

191

192 Tabla I. Estructura del pedigrí en la población Charolais en el Ecuador.

193

194 **Integridad del pedigrí**

195 Para las dos poblaciones evaluadas el número máximo de generaciones trazadas fue de 10. En la
196 población actual se observa que la completitud del pedigrí se incrementó entre un 20.75% a 48.33%
197 entre la primera y la quinta generación. Los parámetros GM, GC y GE presentaron un incremento
198 constante del 30% al comparar las dos poblaciones en estudio (tabla II).

199

200 Tabla II Estadísticas de la completitud del pedigrí de la raza Charolais en el Ecuador

201

202 El incremento de las GM está dado porque los animales registrados en el libro FF poseen información
203 genealógica de origen de por lo menos tres generaciones para la vía materna y paterna. Por otro lado, en
204 el libro PB los toros validados poseen por lo menos 5 generaciones de ancestros conocidos (figura 2).

205

206 Figura 2. Ancestros conocidos de la población histórica y actual en la raza Charolais en Ecuador.

207

208 Los valores de la completitud se reducen en las dos poblaciones analizadas, este efecto también fue
209 observado en la raza Braford en Argentina (Macor, 2013), dado que esta raza también se encontraba en
210 formación.

211

212 **Intervalo generacional**

213 Los intervalos generacionales de las cuatro vías para las poblaciones histórica y actual se muestran en la
214 tabla III. El intervalo generacional promedio fue de 8.42 años con una desviación estándar alta de 5.76
215 años. Este valor es considerado alto para esta raza al compararlo con países europeos (4.6 y 6.7 años) y
216 americanos, como México (6.5 años) (Bouquet et al., 2011, Rios-Utrera et al., 2021). Valores similares
217 fueron mostrados por la raza Gyr (8.25 años) en Brasil (Reis Filho et al., 2010).

218

219 Tabla III Intervalos generacionales estimados para cada vía de selección para la población total y
220 población de referencia de la raza bovina Charolais.

221

222 Al comparar la media del intervalo generacional entre las dos poblaciones se produjo un incremento de
223 1.25 años. La vía padre-hijo fue la de mayor incremento con 3.63 años, seguido de las vías padre-hija
224 con 0.29 años y madre-hija con 0.22 años. Mientras que la vía madre-hijo se redujo en 0.47 años.

225 Otros estudios muestran un incremento del intervalo generacional en la vía padre-hijo/a asociado al uso
226 de toros con un alto grado de variación en las edades cuando nace su descendencia, como es el caso de
227 la raza Charolais en México (Rios-Utrera et al., 2021). Sucede de manera similar en diferentes países
228 (Austria, Suiza, Alemania, Francia, Italia, Estados Unidos y Eslovenia) con la raza Brown Swiss
229 (Gebremariam, 2013).

230 La popularidad y preferencia toros importados con pruebas de descendencia de alta precisión (con edades
231 mayores a 8 años) ha incrementado el intervalo generacional en la vía padre-hijo. Efecto observado en
232 razas lecheras de Sudáfrica (Maiwashe et al., 2006) y Brahman en Brasil (Cavani et al., 2018).

233 Dado que la vía padre-hijo es la de mayor progreso genético, se analizaron los ancestros que explican
234 entre el 25-30% de la variabilidad genética en las dos poblaciones (tabla IV); observando toros
235 influyentes de la década de los 80 y 90. Efecto similar fue reportado en un hato de reproductoras de la
236 raza Angus en Argentina (Corva et al., 2015). Además, se puede observar que en la población actual se
237 incrementó a 14 ancestros que explican el 25% de la diversidad genética y dentro de estos hubo la
238 presencia de un ancestro más de la década de los 80 y 2 ancestros de la década de los 90 lo cual justifica
239 el incremento en el intervalo generacional en la población en estudio.

240

241 Tabla IV Ancestros más importantes y su contribución marginal de genes en la población histórica y
242 actual en la raza Charolais

243

244 En la vía madre hijo/a el intervalo generacional mostró valores entre 3.75-4.33 años en la población
245 actual, siendo este valor menor a las poblaciones de Charolais de México de 6.4-6.5 años (Rios-Utrera
246 et al., 2021); de Italia de 7.57-7.81 años (de Rezende et al., 2020) y de Irlanda de 5.75-5.64 años (Mc
247 Parland et al., 2007). Esto se debe a tres factores, el primero, con el objetivo de incrementar de forma
248 acelerada la población FF se ha popularizado el uso de la técnica de superovulación y transferencia de
249 embriones en vaconas menores a 20 meses de edad. El segundo factor, es el mayor uso de machos FF
250 producto de embriones nacionales cuya descendencia se inscriben en los libros de la raza. El último
251 factor que podría influir es la selección de donantes con alta producción de embriones quienes tienen un
252 mayor número de descendientes. Resultados similares fueron reportados en la raza Bosmara (Santana et
253 al., 2012) y Brahman (Cavani et al., 2018) en Brasil en la que usaban la transferencia de embriones
254 durante la estructuración e introducción de estas razas. De la misma manera se debe considerar que el
255 uso de las biotecnologías reproductivas no solo reduce el intervalo generacional e incrementa la ganancia
256 genética sino puede tener efecto negativos en la diversidad genética de las poblaciones (Doublet et al.,
257 2020).

258

259 **Parámetros relacionados con el coeficiente de consanguinidad (F , ΔF , ΔR , C , α , GCI y N_e)**

260 El promedio de la consanguinidad en las poblaciones histórica y actual fue de 0.08% y 0.14%,
261 respectivamente (tabla V). En la población actual el 5.60% de los animales fueron consanguíneos. En
262 cuanto a ΔR se obtuvieron valores de 0.57% para la población histórica y 0.72% para la actual. El
263 coeficiente de coancestría, C , se incrementó y el apareamiento no aleatorio, α disminuyó en la población
264 actual. El índice de conservación genética para la población histórica y actual fue de 3.31 y 4.19,
265 respetivamente.

266

267 Tabla V Estadísticas del análisis de pedigrí de la población Charolais del Ecuador.

268

269 En la figura 3 se muestra la evolución de los parámetros de diversidad genética por año de nacimiento.
270 El valor promedio de consanguinidad de la población actual, es superior al publicado para esta misma
271 población en el período 2009-2016 por (Zapata, 2018). Además, a partir del año 2011, los valores de F

272 se incrementan de forma general, aunque con decrecimientos en los años 2012-2013 y 2017-2018. A
273 partir del año 2018 se observa un incremento constante llegando al año 2021 a un valor de 0.31%. Este
274 comportamiento se debe al nacimiento y registro de un mayor número de animales FF emparentados
275 provenientes de embriones importados desde Francia. La consanguinidad encontrada no es considerada
276 como un problema según las recomendaciones de (FAO, 1998). Valores similares han sido reportados
277 en otras razas como Braford (0.04%) en Argentina (Macor, 2013).

278 Los valores de ΔR de las poblaciones estudiadas fueron superiores a los valores de F (figura 3), indicando
279 una estimación inadecuada de este parámetro, sumado a los resultados del índice de completitud del
280 pedigrí indicados en la tabla II. Por tanto, los parámetros de F y ΔR podrían estar subestimados en este
281 estudio. Resultados similares han sido publicados por (Macor, 2013) para la raza Brangus en Argentina
282 y en la raza Curraleiro Pé Duro en Brasil (Ribeiro et al., 2021).

283

284 Figura 3 Evolución del coeficiente de consanguinidad, parentesco medio, non-random mating e índice
285 de conservación genética por año en la raza Charolais.

286

287 El N_e evalúa los cambios en la variabilidad genética en el tiempo en razas con pedigrí incompleto o en
288 aquellas poblaciones bovinas que mantienen el libro genealógico abierto (Bongiorno, 2014), para el caso
289 de la raza en estudio el N_e estimado a partir del incremento de la consanguinidad de 567.12 fue superior
290 al N_e a partir de la regresión de las generaciones equivalentes de 189.80. Esto indica que N_e podría estar
291 sobreestimado por una subestimación de la consanguinidad real como lo ha demostrado en la raza
292 Brangus argentina en la que al realizar montas colectivas se tenían muchos individuos con padres no
293 identificados (Macor, 2013). Mientras que en la raza Charolais del Ecuador puede deberse al registro de
294 animales iniciales (con uno o dos padres desconocidos) en el periodo evaluado.

295 Por otro lado, los valores de N_e encontrados son superiores a los publicados por (Mc Parland et al., 2007)
296 para las razas Hereford (64), Simmental (127) y Holstein Friesian (75). Además dentro de la misma raza
297 Charolais en Italia se encontraron valores menores de 91.60 y 90.29 (de Rezende et al., 2020, Fabbri et
298 al., 2019). En tanto que, en la población Charolais de México el N_e estimado fue 233.2 para el periodo
299 2014-2018, valor muy superior al encontrado en este estudio. Comportamiento relacionado a que la
300 proporción de ancestros conocidos entre la primera y quinta estuvieron en un rango de 0.57-0.99 y las
301 generaciones equivalentes entre 4.76-7.86, para el periodo 1984-2018 (Rios-Utrera et al., 2021).

302 Los valores del índice de conservación genética (ICG) de la primera y segunda generación muestran
303 valores entre 0.43-0.56 y 0.62-0.75, respectivamente; coincidiendo con el inicio de la gestión de los
304 registros genealógicos por parte de ACHE. Un valor del ICG superior a 0.6 indica que se dispone de
305 información suficiente para tener confiabilidad en las estimaciones de la consanguinidad según el criterio
306 de (MacCluer et al., 1983). Cabe mencionar que los valores de ICG en todas las generaciones fueron
307 menores a lo publicados en razas como Jersey y Holstein Friesian en Canadá (Stachowicz et al., 2011)
308 y en la raza Charolais y Romosinuano en México (Hidalgo et al., 2021, Rios-Utrera et al., 2021). A pesar
309 de esto se observa un crecimiento en la población actual de un 0.1 en cada generación.

310 El tamaño efectivo de la población (N_e) estimado a partir del incremento de la consanguinidad en los
311 individuos de la población de referencia fue de 537.38 y a partir de la regresión de las generaciones
312 equivalentes fue de 193.71. Estos valores son superiores al mínimo de 50 individuos considerado como
313 crítico según la (FAO, 1998).

314

315

316 **Relaciones entre hatos, cantones, provincias y países**

317 Se consideraron 67 hatos, 9 cantones, 2 provincias y 3 países como criterios de subdivisión. Los
318 parámetros de Wright para la población total (F_{IT}) fueron de -0.002322, -0.002329, -0.002328; y de F
319 relativo a las subpoblaciones (F_{IS}) de -0.023134, -0.005770, -0.003015 y -0.002614, respectivamente.
320 Mientras que la correlación F_{ST} fue de 0.02034, 0.003421, 0.000685 y 0.000610, como se muestra en la
321 tabla VIII. Los valores de F_{IS} negativos indican que el promedio de la coancestría es mayor a la
322 consanguinidad en las subpoblaciones (Gebremariam, 2013). Además tanto F_{IS} y F_{IT} indican una alta
323 frecuencia de heterocigotos (valores negativos), efecto similar a la raza Braford en Sudamérica
324 (González et al., 2022) y razas en procesos de conservación como, la Lageana y Curraleiro Pe Duro
325 (Pezzini et al., 2018, Ribeiro et al., 2021). Por otro lado, F_{ST} indica la diferencia en las frecuencias
326 alélicas entre subpoblaciones que, en este caso, fueron demasiado bajos para considerar una
327 diferenciación entre ellas; tal y como lo encontrado en la raza Braford (González et al., 2022).

328

329 Tabla VI Wright's Fixation statistics and heterozygosity parameters when subdivision criterion were
330 herds, municipalities and provinces.

331

332 El análisis de la estructura a nivel de hato, cantón y país indicó que estos no podrían considerarse como
333 núcleos poblacionales debido al uso de machos importados y propios entre hatos, es decir, no hay ningún
334 tipo de aislamiento. Del total de hatos (multiplicadores y comerciales) solamente 13 utilizaron machos
335 propios. Los dendrogramas basados en la distancia genética de Nei a nivel de hato, cantón y país se
336 muestran en las figuras 4-6. El rango de la distancia de Nei fue de 0.0065-0.4355 en el nivel rebaño. Los
337 cantones con mayor distanciamiento fueron Palora y San Juan Bosco con 0.026; la menor distancia
338 (0.00152) fue entre Morona y Huamboya, todos cantones de la provincia de Morona Santiago.

339

340 Figura 4 Dendrograma de los 67 hatos basado en la distancia genética de Nei.

341

342

343 Figura 5 Dendrograma de los 9 cantones basado en la distancia genética de Nei.

344

345

346 Figura 6 Dendrograma de los 3 países hatos basado en la distancia genética de Nei.

347

348

349

350

351

352 **Conclusión**

353 La raza Charolais en el Ecuador se encuentra en proceso de establecimiento, su diversidad y estructura
354 genética coincide con el comportamiento descrito en otros países, considerándose una población joven
355 y en crecimiento desde el punto de vista genético. El control de filiación mediante técnicas moleculares
356 previo al registro, junto al uso de biotecnologías reproductivas han influenciado directamente en la
357 calidad de la información genealógica; lo que permitirá a la asociación disponer de herramientas fiables
358 para la gestión de la población y diseño del programa de mejora.

359 **Agradecimientos**

360 Los autores agradecen a la Asociación Charolais del Ecuador por la cesión de la base de datos de los
361 registros genealógicos. A la Universidad Técnica de Cotopaxi y al programa de Maestría en Ciencias
362 Veterinarias. De la misma manera a los estudiantes de Biología de la Universidad Estatal Amazónica
363 Sede Lago Agrio por su apoyo en la edición y complementación de la base de datos. Este proyecto ha
364 sido financiado de forma personal por los autores.

365

366

367 **Bibliografía**

368

- 369 AGROCALIDAD. 2021. *Fiebre aftosa en el Ecuador* [Online]. [Accessed 21/12/2021 2021].
370 ALDERSON, G. L. H. 1992. *A system to maximize the maintenance of genetic variability in small*
371 *populations*, Wallingford.
372 BOICHARD, D., MAIGNEL, L. & VERRIER, E. 1996. Pedigree analysis of the French dairy cattle
373 breeds. *Productions Animales*, 9, 323-335.
374 BOICHARD, D., MAIGNEL, L. & VERRIER, E. 1997. The value of using probabilities of gene origin
375 to measure genetic variability in a population. *Genet Sel Evol*, 29, 5-23.
376 BONGIORNO, F. 2014. *Tamaño efectivo por subdivisión en los rodeos del núcleo selectivo de una raza*.
377 Universidad de Buenos Aires.
378 BOUQUET, A., VENOT, E., LALOE, D., FORABOSCO, F., FOGH, A., PABIOU, T., MOORE, K.,
379 ERIKSSON, J. A., RENAND, G. & PHOCAS, F. 2011. Genetic structure of the European
380 Charolais and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses. *J Anim Sci*, 89, 1719-
381 30.
382 CARNEIRO, P. L. S., MALHADO, C. H. M., EUCLYDES, R. F., CARNEIRO, A. P. S. & CUNHA,
383 E. E. 2017. Inbreeding, alleles fixation and selection limit in populations under traditional or
384 marker assisted selection methods. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 36, 369-375.
385 CAVANI, L., SILVA, R. M. D. O., CARREÑO, L. O. D., ONO, R. K., BERTIPAGLIA, T. S., FARAH,
386 M. M., MILLEN, D. D. & FONSECA, R. D. 2018. Genetic diversity of Brazilian Brahman
387 cattle by pedigree analysis. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 53, 74-79.
388 CORVA, P. M., COLAVITA, M. I., LEGAZ, G. & MARTINEZ, M. 2015. Genealogical and molecular
389 analysis of an Argentinean Angus seedstock herd. *BAG, J. basic appl. genet.*, 26, 17-28.
390 DE REZENDE, M. P. G., MALHADO, C. H. M., BIFFANI, S., SOUZA CARNEIRO, P. L. & BOZZI,
391 R. 2020. Genetic diversity derived from pedigree information and estimation of genetic
392 parameters for reproductive traits of Limousine and Charolais cattle raised in Italy. *Italian*
393 *Journal of Animal Science*, 19, 762-771.
394 DOUBLET, A. C., RESTOUX, G., FRITZ, S., BALBERINI, L., FAYOLLE, G., HOZE, C., LALOE,
395 D. & CROISEAU, P. 2020. Intensified Use of Reproductive Technologies and Reduced

396 Dimensions of Breeding Schemes Put Genetic Diversity at Risk in Dairy Cattle Breeds. *Animals*
397 (*Basel*), 10.

398 DOW, K. 1975. La Ganadería de carne en el Ecuador. *In: AGROPECUARIAS, I. N. D. I. (ed.)*. Quito:
399 Departamento de comunicación del INIAP.

400 FABBRI, M. C., DE REZENDE, M. P. G., DADOUSIS, C., BIFFANI, S., NEGRINI, R., CARNEIRO,
401 P. L. S. & BOZZI, R. 2019. Population Structure and Genetic Diversity of Italian Beef Breeds
402 as a Tool for Planning Conservation and Selection Strategies. *Animals*, 9, 15.

403 FALCONER, D. S. & MACKAY, T. 1996. Introduction to quantitative genetics.

404 FAO 1998. *Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources*
405 *Management Plans: Management of Small Populations at Risk*. FAO, Rome, Italy.

406 GADMM 2019. *Plan de Desarrollo y Ordenamiento territorial del Cantón Morona*.

407 GADPMS 2011. *Actualización del diagnóstico del PODT del GAD provincial Morona Santiago*.

408 GEBREMARIAM, W. 2013. *Characterization of the global Brown Swiss cattle population structure*.
409 Degree Master in Animal Science, Swedish University of Agricultural Sciences.

410 GONZÁLEZ, A. R. M., NAVAS GONZÁLEZ, F. J., CRUDELI, G. Á., DELGADO BERMEJO, J. V.,
411 CAMACHO VALLEJO, M. E. & QUIRINO, C. R. 2022. Process of Introduction of Australian
412 Braford Cattle to South America: Configuration of Population Structure and Genetic Diversity
413 Evolution. *Animals*, 12.

414 GOYACHE, F., GUTIERREZ, J. P., FERNANDEZ, I., GOMEZ, E., ALVAREZ, I., DIEZ, J. & ROYO,
415 J. 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations:
416 the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.*, 95-105.

417 GUTIERREZ, J. P., ALTARRIBA, J., DÍAZ, C., QUINTANILLA, R., CAÑÓN, J. & PIEDRAFITA, J.
418 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 35,
419 43-63.

420 GUTIERREZ, J. P., CAÑÓN, J. & RICO, M. 1990. Aplicación de un método modificado de cálculo del
421 coeficiente de consanguinidad en una muestra del ganado vacuno Frison Español. *Archivos de*
422 *Zootecnia*, 3-8.

423 GUTIERREZ, J. P., CERVANTES, I., MOLINA, A., VALERA, M. & GOYACHE, F. 2008. Individual
424 increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. *Genetics Selection*
425 *Evolution*, 40, 359-378.

426 GUTIERREZ, J. P. & GOYACHE, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing
427 pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122, 172-176.

428 HIDALGO, J., CESARANI, A., GARCIA, A., SUMREDDEE, P., LARIOS, N., MANCIN, E.,
429 GARCIA, J. G., NUNEZ, R. & RAMIREZ, R. 2021. Genetic Background and Inbreeding
430 Depression in Romosinuano Cattle Breed in Mexico. *Animals*, 11, 20.

431 KEOGH, K., CARTHY, T. R., MCCLURE, M. C., WATERS, S. M. & KENNY, D. A. 2021. Genome-
432 wide association study of economically important traits in Charolais and Limousin beef cows.
433 *Animal*, 15, 100011.

434 MACCLUER, J., BOYCE, A., DYKE, B., WEITKAMP, L., PFENNIG, D. & PARSONS, C. 1983.
435 Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *The Journal of Heredity*, 344-349.

436 MACOR, L. 2013. *Evaluación de la variabilidad genética mediante el número efectivo en Braford*
437 *Argentino*. Master, Universidad Politécnica de Valencia.

438 MAG 2009. Acuerdo ministerial 02: Aprobar el estatuto y personería jurídica de la Asociación Charolais
439 de Morona Santiago.

440 MAG 2021a. Acuerdo Ministerial 038: Autorizar a la Asociación Charolais de Morona Santiago la
441 gestión de los registros genealógicos de la raza bovina Charolais. *In: PECUARIA, S. D. P.*
442 (ed.). Quito.

443 MAG 2021b. Cambio de nomenclatura a Asociación Charolais del Ecuador.

444 MAIWASHE, A., NEPHAWE, K. A., VAN DER WESTHUIZEN, R. R., MOSTERT, B. E. &
445 THERON, H. E. 2006. Rate of inbreeding and effective population size in four major South
446 African dairy cattle breeds. *South African Journal of Animal Science*, 36, 50-57.

447 MC PARLAND, S., KEARNEY, J. F., RATH, M. & BERRY, D. P. 2007. Inbreeding trends and
448 pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *J Anim Sci*, 85, 322-31.

- 449 MEUWISSEN, T. & LUO, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet Sel*
450 *Evol*, 305-313.
- 451 NAVAS, F. J., JORDANA, J., LEON, J. M., BARBA, C. & DELGADO, J. V. 2017. A model to infer
452 the demographic structure evolution of endangered donkey populations. *Animal*, 11, 2129-
453 2138.
- 454 PEZZINI, T., MARIANTE, A. S., MARTINS, E., PAIVA, S., SEIXAS, L., COSTA, J. B. G., ROLO,
455 J. & MCMANUS, C. 2018. Population structure of Brazilian Crioula Lageana cattle (*Bos*
456 *taurus*) breed. *Revista Colombiana De Ciencias Pecuarias*, 31, 93-102.
- 457 QUAAS, R. L. 1976. Computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix.
458 *Biometrics*, 949-953.
- 459 REIS FILHO, J. C., SÁVIO LOPES, P., DA SILVA VERNEQUE, R., DE ALMEIDA TORRES, R.,
460 TEODORO, R. L. & SOUZA CARNEIRO, P. L. 2010. Population structure of Brazilian Gyr
461 dairy cattle. *R. Bras. Zootec.*, 30, 2640-2645.
- 462 RIBEIRO, N. L., MEDEIROS, G. R., NASCIMENTO, G. V., ARANDAS, J. K. G. & RIBEIRO, M. N.
463 2021. Analysis of the population structure of a cattle conservation nucleus Curraleiro Pé Duro.
464 *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, 73, 231-238.
- 465 RIOS-UTRERA, A., MONTANO-BERMUDEZ, M., VEGA-MURILLO, V. E., MARTINEZ-
466 VELAZQUEZ, G., BAEZA-RODRIGUEZ, J. J. & ROMAN-PONCE, S. I. 2021. Genetic
467 diversity evolution in the Mexican Charolais cattle population. *Anim Biosci*, 34, 1116-1122.
- 468 SANTANA, M. L., JR., OLIVEIRA, P. S., ELER, J. P., GUTIERREZ, J. P. & FERRAZ, J. B. 2012.
469 Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and
470 Bonsmara breeds. *J Anim Sci*, 90, 99-108.
- 471 SANTANA, M. L., PEREIRA, R. J., BIGNARDI, A. B., AYRES, D. R., MENEZES, G. R. O., SILVA,
472 L. O. C., LEROY, G., MACHADO, C. H. C., JOSAHKIAN, L. A. & ALBUQUERQUE, L. G.
473 2016. Structure and genetic diversity of Brazilian Zebu cattle breeds assessed by pedigree
474 analysis. *Livestock Science*, 187, 6-15.
- 475 STACHOWICZ, K., SARGOLZAEI, M., MIGLIOR, F. & SCHENKEL, F. S. 2011. Rates of inbreeding
476 and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *J Dairy Sci*, 94, 5160-75.
- 477 VOZZI, P. A., RIGHETTI MARCONDES, C., DE ULHÔA MAGNABOSCO, C., FRAMARTINO
478 BEZERRA, L. A. & BARBOSA LÔBO, R. 2006. Structure and genetic variability in Nellore
479 (*Bos indicus*) cattle by pedigree analysis. *Genetics and Molecular Biology*, 29, 482-485.
- 480 WILLIAMS, J. L., USHA, A. P., URQUHART, B. G. & KILROY, M. 1997. Verification of the identity
481 of bovine semen using DNA microsatellite markers. *The Veterinary Record*, 140, 446-449.
- 482 WRIGHT, S. 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. *American Society of Naturalists*, 56,
483 330-338.
- 484 ZAPATA, C. 2018. Determinación de la consanguinidad y diversidad genética mediante el uso del
485 pedigrí de la población bovina registrada en la Asociación Charolais de Morona Santiago.
486 *Facultad de Ciencias de la Salud*.
- 487

[AZ] Decisión del editor/a



Recibidos



Dr Francisco Javier N... 3:25 p. m.



para mí ▾

Luis Cartuche:

Tomamos una decisión sobre su envío a Archivos de Zootecnia, "Diversidad genética y estructura de la población de la raza Charolais en Ecuador a través del pedigrí".

Nuestra decisión es: Aceptar

Dr Francisco Javier Navas González (EDITOR-IN-CHIEF)

Universidad de Córdoba

Teléfono +34957218706

archivoszootecnia@uco.es

Archivos de Zootecnia

<http://www.uco.es/ucopress/az/index.php/az>

uco.es/servicios/ucopress/az/index.php/az/pages/view/contacto

ARCHIVOS DE ZOOTECNIA



[INICIO](#) [ACERCA DE](#) [INICIAR SESIÓN](#) [REGISTRARSE](#) [BUSCAR](#) [ACTUAL](#) [NÚMEROS ANTERIORES](#) [AVISOS](#)
[IMPACTO](#) [REVISORES](#) [CONSEJO EDITORIAL](#) [GUÍA PARA AUTORES](#) [ÉTICA EDITORIAL](#) [VIDEO TUTORIALES](#) [CONTACTO](#)
[PROCESO EDITORIAL \(EDITORIOS SECTORIALES\)](#) [PLATAFORMA DE PAGO](#)

Inicio > CONTACTO

CONTACTO



Dr. Gustavo Gómez Castro
 Director de Archivos de Zootecnia
 pglgicag@uco.es
 Departamento de Producción Animal,
 Universidad de Córdoba,
 14014 Córdoba (España)



Francisco Javier Navas González, DVM, MVZ
 Editor Jefe de Archivos de Zootecnia
 Editor Lingüístico para inglés
 fjng87@hotmail.com/archivoszootecnia@uco.es
 Edificio Gregor Mendel, Campus de Rabanales,
 Universidad de Córdoba, España,
 14014 Córdoba (España)

DIRECCIÓN POSTAL
 Francisco Javier Navas González
 Grupo PAIDI AGR218
 Departamento de Genética
 Facultad de Veterinaria
 Edificio C5 (Gregor Mendel)
 Planta Baja
 Universidad de Córdoba
 Campus de Rabanales
 14071, Córdoba (España)

OPEN JOURNAL SYSTEM
[Servicio de ayuda de la revista](#)

USUARIO/A
 Nombre de usuario/a
 Contraseña
 No optar sesión
[Olvidé mi contraseña](#)

NOTIFICACIONES
[Ver](#)
[Actualizar](#)

IDIOMA
 Español idioma
 

CONTENIDO DE LA REVISTA
 Buscar
 Ambito de la búsqueda
 Todo

Enviar
 Por e-mail
 Por correo
 Por SMS

TAMAJÓ DE FUENTE


INFORMACIÓN
[Sobre Archivos de Zootecnia](#)
[Sobre el proceso editorial](#)
[Sobre el fotocopiar](#)

PATROCINADORES




Francisco Javier Navas González, DVM, MVZ

Editor Jefe de Archivos de Zootecnia

Editor Lingüístico para Inglés

fjng87@hotmail.com/archivoszootecnia@uco.es
 Edificio Gregor Mendel, Campus de Rabanales,
 Universidad de Córdoba, España,
 14014 Córdoba (España)

DIRECCIÓN POSTAL

Francisco Javier Navas González

Grupo PAIDI AGR218
 Departamento de Genética
 Facultad de Veterinaria
 Edificio C5 (Gregor Mendel)
 Planta Baja
 Universidad de Córdoba
 Campus de Rabanales
 14071, Córdoba (España)



INICIO	ACERCA DE	ÁREA PERSONAL	BUSCAR	ACTUAL	NÚMEROS ANTERIORES
AVISOS	IMPACTO	REVISORES	CONSEJO EDITORIAL	GUÍA PARA AUTORES	ÉTICA
EDITORIAL	VIDEO TUTORIALES	CONTACTO	PROCESO EDITORIAL (EDITORES SECTORIALES)		
PLATAFORMA DE PAGO					

Inicio > Usuario/a > Autor/a > Envíos activos

Envíos activos

ACTIVO/A ARCHIVAR

ID.	DD-MM ENVIAR	SECC	AUTORES/AS	TÍTULO	ESTADO
5543	06-22	ARTSP	Lozada, Chacón, Sambache, Revelo,...	DIVERSIDAD GENÉTICA Y ESTRUCTURA DE LA POBLACIÓN DE LA...	EN EDICIÓN

Elementos 1 - 1 de 1

Empezar un nuevo envío

[HAGA CLIC AQUÍ](#) para ir al primer paso del proceso de envío en cinco pasos.

Enlaces reback

TODOS NUEVO PUBLICADO OMITIDOS

FECHA DE CREACIÓN	VISITAS	URL	ARTÍCULO	TÍTULO	ESTADO	ACCIÓN
No hay ningún enlace reback.						

OPEN JOURNAL SYSTEMS

[Servicio de ayuda de la revista](#)

USUARIO/A

Ha iniciado sesión como...

- I_cartuchem2**
- [Mi perfil](#)
 - [Cerrar sesión](#)

NOTIFICACIONES

- [Vista](#)
- [Gestionar](#)

AUTOR/A

Envíos

- [Activo/a \(1\)](#)
- [Archivar \(0\)](#)
- [Nuevo envío](#)

IDIOMA

Escoge idioma



CONTENIDO DE LA REVISTA

Buscar

Ámbito de la búsqueda

Todo

[Buscar]

#5543 Edición

RESUMEN REVISIÓN EDICIÓN

Envío

Autores/as Edwin Lozada, Edilberto Chacón, Eduardo Sambache, María Revelo, Miguel Gutiérrez-Reinoso, Juan Vicente Delgado, Luis Favian Cartuche, Francisco Javier Navas 
Título Diversidad genética y estructura de la población de la raza Charolais en Ecuador a través del pedigrí
Sección Artículos
Editor/a Emiliano Lasagna (ANIMAL GENETICS AND ETHNOLOGY AREA) 

Corrección de originales

INSTRUCCIONES DE CORRECCIÓN DE ORIGINALES

METADATOS DE REVISIÓN	SOLICITUD(ES)	EN PROCESO	COMPLETADO
1. Corrección inicial Archivo: Ninguno	—	—	—
2. Corrección del autor/a Archivo: Ninguno <input type="text" value="Seleccionar archivo"/> Ninguno archivo selec. <input type="button" value="Cargar"/>	—	—	
3. Corrección final Archivo: Ninguno	—	—	—

Comentarios de corrección de originales  Ningún comentario

[OPEN JOURNAL SYSTEMS](#)

[Servicio de ayuda de la revista](#)

USUARIO/A

Ha iniciado sesión como...

I_cartuchem2

- [Mi perfil](#)
- [Cerrar sesión](#)

NOTIFICACIONES

- [Vista](#)
- [Gestionar](#)

AUTOR/A

Envíos

- [Activo/a \(1\)](#)
- [Archivar \(0\)](#)
- [Nuevo envío](#)

IDIOMA

Escoge idioma



CONTENIDO DE LA REVISTA

Buscar

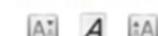
Ámbito de la búsqueda

Todo 

Examinar

- [Por número](#)
- [Por autor/a](#)
- [Por título](#)

TAMAÑO DE FUENTE



Proceso de evaluación por pares

Recibida y registrada una contribución, se informa al autor responsable de la correspondencia de la recepción del manuscrito.

El Director asignara el trabajo a un Editor sectorial quien llevara el control hasta su aceptación o rechazo.

El Editor sectorial que se asigne a cada trabajo, hará una lectura previa tras la que determinara, si el trabajo se envía a evaluar, se devuelve a los autores para correcciones previas o se rechaza.

Una vez realizadas las eventuales correcciones de los autores o, directamente si no son necesarias, los trabajos serán enviados a evaluadores para ser analizados de forma confidencial y anónima al menos por dos expertos ajenos a la revista.

La selección de los evaluadores se realizará, bien usando el banco de evaluadores propio de *Archivos de Zootecnia*, a partir de la consulta complementaria de bases de datos bibliográficas, o bien siguiendo la sugerencia de los autores del manuscrito.

Es responsabilidad del Editor Sectorial, contactar con los evaluadores y, una vez aceptada la labor de evaluación, permitir el acceso al manuscrito anónimo y al formulario de evaluación. La evaluación se realiza vía on-line en la web de *Archivos de Zootecnia*.

Los revisores entregarán, en un plazo no superior a tres semanas, un informe anónimo sobre la conveniencia de la publicación del artículo, con o sin modificaciones que será tenido en cuenta por el Editor sectorial correspondiente.

En caso de disconformidad entre revisores el documento podrá ser remitido a evaluadores adicionales, si el Editor sectorial así lo considera.

Los documentos generados en el proceso de evaluación serán remitidos de forma anónima a los autores para que realicen o discutan los cambios propuestos por los evaluadores. Los autores deberán elaborar una nueva versión corregida del trabajo (control de cambios activado) antes de 30 días y remitirla acompañada de una carta en la que se indique la forma en que se han tenido en cuenta dichas evaluaciones o por el contrario justificando por qué no se han asumido. Si fuera necesario, la versión corregida será enviada de nuevo a los evaluadores externos. Este proceso continuará hasta que el trabajo sea acreedor a la aceptación o rechazo motivado, a juicio del Editor Sectorial, quien se encargara de comunicarlo al Editor Jefe mediante un dictamen (aceptación, aceptación con correcciones o rechazo, el trabajo puede ser aprobado para publicación en forma de artículo, nota breve, revisión bibliográfica), profundizando y complementando las observaciones de los evaluadores.

El Editor Jefe revisara la adecuada presentación formal con arreglo a las normas de la revista y, al tiempo que comunica la aprobación o rechazo motivado, requerirá al autor la realización de los cambios necesarios para adaptarse a ellas antes de empezar la maquetación del manuscrito.

Durante el proceso de publicación, el Editor Jefe, podrá realizar por su cuenta o solicitar al autor, la implementación de pequeños cambios sobre el manuscrito.

También puede corregir la redacción, ortografía, sintaxis, gramática, de manera que las ideas estén expresadas de manera correcta, clara, precisa y coherente.

En todo caso, la aceptación final de una contribución es responsabilidad del Director de *Archivos de Zootecnia*, quien la remitirá a los autores a través de la Oficina Editorial.

<https://www.uco.es/servicios/ucopress/az/index.php/az/about/editorialPolicies#peerReviewProcess>