

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

Lozada, E.<sup>1</sup>; Chacón, E.<sup>2</sup>; Sambache, E.<sup>3</sup>; Revelo, M.<sup>4</sup>; Gutiérrez, M.<sup>5</sup>; Delgado, J.V.<sup>6</sup>; Cartuche, L.F.<sup>4</sup>; Navas, F.J.<sup>6</sup>\*

<sup>1</sup> Asociación Charolais del Ecuador.

<sup>2</sup> Maestría en Ciencias Veterinarias. Universidad Técnica de Cotopaxi. Cotopaxi. Ecuador.

<sup>3</sup> Carrera de Medicina Veterinaria. Universidad Estatal de Bolívar. Bolívar. Ecuador.

<sup>4</sup> Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Central del Ecuador. Quito. Ecuador.

<sup>5</sup> Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Concepción. Chillán. Chile.

<sup>6</sup> Departamento de Genética. Universidad de Córdoba. Córdoba. España.

### PALABRAS CLAVE

Charolais.  
Ecuador.  
Diversidad genética.  
Consanguinidad.  
Mejora genética.

### 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 selección genética. Por tanto, 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. 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. El  $N_e$  fue de 537.38. La raza Charolais en el Ecuador se encuentra en proceso de establecimiento, pudiéndose considerar una población joven desde el punto de genético. El uso de biotecnologías reproductivas ha influenciado directamente en la calidad de la información genealógica sumado al control en los registros de animales nuevos, lo que permitirá a la asociación disponer de herramientas fiables para la gestión de la población.

### Genetic diversity and population structure of the Charolais breed in Ecuador through pedigree

### SUMMARY

The evaluation of genetic diversity and gene flow through genealogical information of a population is necessary in genetic selection programs. Therefore, the objective of the study was to evaluate the diversity and genetic structure of the Charolais population in Ecuador. Three sets of data were used, the historical population, current population and the reference population. The information on each animal included its own name and registration number, that of the father, the mother, and date of birth. The parameters evaluated were the completeness of the pedigree, generation interval, inbreeding, mean relationship, increase in inbreeding 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. Inbreeding values were 0.08% and 0.14%, respectively. The  $N_e$  was 537.38. The Charolais cattle 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 with molecular information 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.

### ADDITIONAL KEYWORDS

Charolais.  
Ecuador.  
Genetic diversity.  
Consanguinity.  
Breeding.

### INFORMATION

Cronología del artículo.

Recibido/Received: 22.06.2022

Aceptado/Accepted: 10.01.2023

On-line: 15.01.2023

Correspondencia a los autores/Contact e-mail:

fjng87@hotmail.com

## 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 (Souza *et al.*, 2017). Tradicionalmente el análisis de pedigrí se ha utilizado para la caracterización de la diversidad genética en poblaciones bovinas (Vozzi *et al.*, 2006). 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 (de Rezende *et al.*, 2020). 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 (Gutierrez *et al.*, 2003, Carneiro *et al.*, 2017) 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 (Dow, 1975) y sumada a las primeras importaciones de genética francesa via 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 (MAG, 2009). 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 (ACHE) (MAG, 2021a, MAG, 2021b)

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

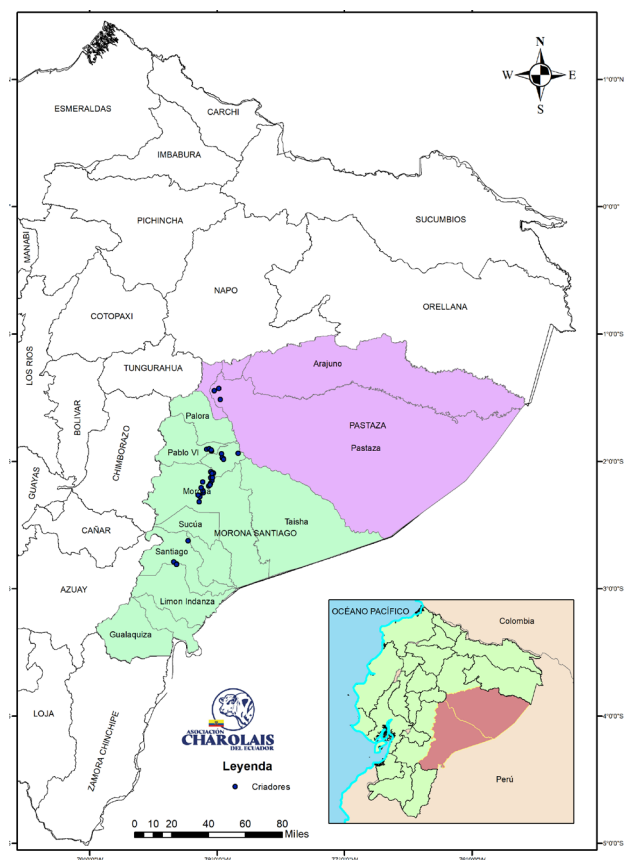
### ZONA DE ESTUDIO

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 (GADPMS, 2011, GADMM, 2019). 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, multiovulación y transferencia de embriones. El programa sanitario incluye el control de ecto y endoparásitos, y la vacunación contra fiebre aftosa, rabia y carbunco (AGROCALIDAD, 2021).

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

### 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



**Figura 1.** Distribución de las fincas de productores de la raza Charolais en el Ecuador (Distribution of the farms of producers of the Charolais breed in Ecuador).

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 *et al.*, 2017). 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:

$$E_q G_i = \Sigma (1/2)^n$$

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 (Boichard *et al.*, 1996, Boichard *et al.*, 1997, Gutierrez and Goyache, 2005). 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 (Falconer and Mackay, 1996); 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 (Wright, 1922). Este coeficiente se estimó a partir del algoritmo desarrollado por (Meuwissen and Luo, 1992). Mientras que el incremento de consanguinidad  $\Delta F$  por generación fue calculado a través de la siguiente ecuación:

$$\Delta F = (F_t - F_{(t-1)}) / (1 - F_{(t-1)})$$

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 (Goyache *et al.*, 2003, Gutierrez *et al.*, 2003, Gutierrez and Goyache, 2005). Este parámetro se calculó usando el vector c, donde cada elemento corresponde

al respectivo AR de un animal (Gutierrez *et al.*, 1990), definido como:

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

Donde:

A: es la matriz de parentesco.

n x n del numerador de coeficientes de parentesco de Wright (NRM).

1: es un vector de orden 1 x 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 (Quaas, 1976).

##### TAMAÑO EFECTIVO DE LA POBLACIÓN

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

$$N_e = 1 / 2\Delta F$$

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 ( $F_n - F_{n-1} = b$ ; (Gutierrez *et al.*, 2008):

$$N_e = 1 / 2b$$

##### 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 (Alderson, 1992). Para su cálculo se utilizó la siguiente ecuación:

$$GCI = 1 / (\Sigma p_i^2)$$

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 (Gutierrez and Goyache, 2005). 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

**Tabla I. Estructura del pedigrí en la población Charolais en Ecuador** (Pedigree structure in the Charolais population in 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

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.

#### 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 II**).

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**).

Los valores de la completitud se reducen en las dos poblaciones analizadas, este efecto también fue observado en la raza Braford en Argentina (Macor, 2013), 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 III**. 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) (Bouquet *et al.*, 2011, Rios-Utrera *et al.*, 2021). Valores similares fueron mostrados por la raza Gyr (8.25 años) en Brasil (Reis Filho *et al.*, 2010).

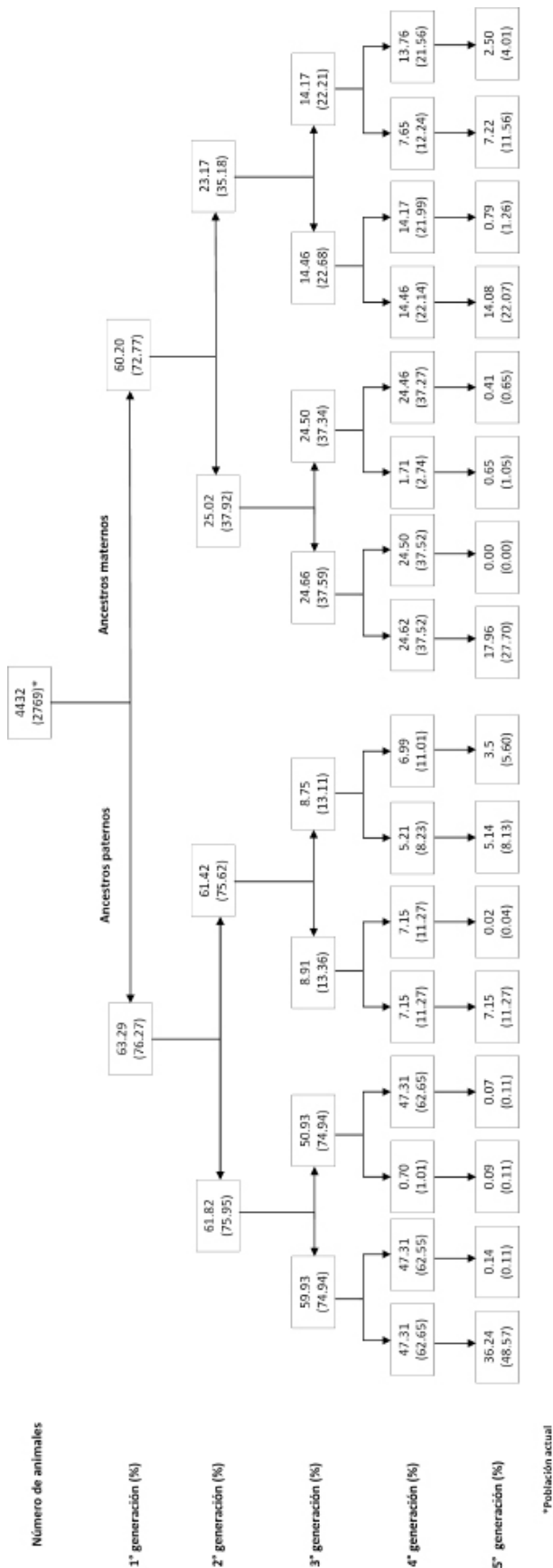
Al comparar la media del intervalo generacional entre las dos poblaciones se produjo un incremento de 1.25 años. La vía padre-hijo fue la de mayor incremento con 3.63 años, seguido de las vías padre-hija con 0.29 años y madre-hija con 0.22 años. Mientras que la vía madre-hijo se redujo en 0.47 años.

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 (Rios-Utrera *et al.*, 2021). Sucede de manera similar en diferentes países (Austria, Suiza, Alemania, Francia, Italia, Estados Unidos y Eslovenia) con la raza Brown Swiss (Gebremariam, 2013).

La popularidad y preferencia toros importados con pruebas de descendencia de alta precisión (con eda-

**Tabla II. Estadísticas de la completitud del pedigrí de la raza Charolais en el Ecuador** (Statistics of the completeness of the pedigree of the Charolais breed in Ecuador).

Parámetro	Población histórica	Población actual
Tamaño de la población	4432	2769
Número máximo de generaciones, n	10	10
Completitud de la 1 <sup>st</sup> generación, (padres conocidos)	0,617	0,745
Completitud de la 2 <sup>nd</sup> generación, (abuelos conocidos)	0,429	0,562
Completitud de la 3 <sup>rd</sup> generación, (bisabuelos conocidos)	0,269	0,370
Completitud de la 4 <sup>th</sup> generación, (tatarabuelos conocidos)	0,136	0,197
Completitud de la 5 <sup>th</sup> 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



**Figura 2.** Ancestros conocidos de la población histórica y actual en la raza Charolais en Ecuador (Known ancestors of the historical and current population in the Charolais breed in Ecuador).

des mayores a 8 años) ha incrementado el intervalo generacional en la vía padre-hijo. Efecto observado en razas lecheras de Sudáfrica (Maiwashe *et al.*, 2006) y Brahman en Brasil (Cavani *et al.*, 2018).

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 IV**); 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 (Corva *et al.*, 2015). 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.

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 (Rios-Utrera *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 Parland *et al.*, 2007). 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 vacas 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 (Santana *et al.*, 2012) y Brahman (Cavani *et al.*, 2018) 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 (Doublet *et al.*, 2020).

**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 III.** Intervalos generacionales estimados para cada vía de selección para la población total y población de referencia de la raza bovina Charolais (Estimated generational intervals for each route of selection for the total population and reference population of the Charolais bovine breed).

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

**Tabla IV.** Ancestros más importantes, contribución marginal y acumulada de genes en la población histórica y actual de la raza Charolais en Ecuador (Most important ancestors, marginal and accumulated contribution of genes in the historical and current population of the Charolais breed in Ecuador).

Población histórica					Población actual				
Ancestro	Sexo	AN <sup>*</sup>	CM <sup>**</sup>	CMA <sup>***</sup>	Ancestro	Sexo	AN <sup>*</sup>	CM <sup>**</sup>	CMA <sup>***</sup>
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

vamente (**tabla V**). En la población actual el 5.60% de los animales fueron consanguíneos. En cuanto a  $\Delta R$  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,  $\alpha$  disminuyó en la población actual. El índice de conservación genética para la población histórica y actual fue de 3.31 y 4.19, respectivamente.

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 por (Zapata, 2018). 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

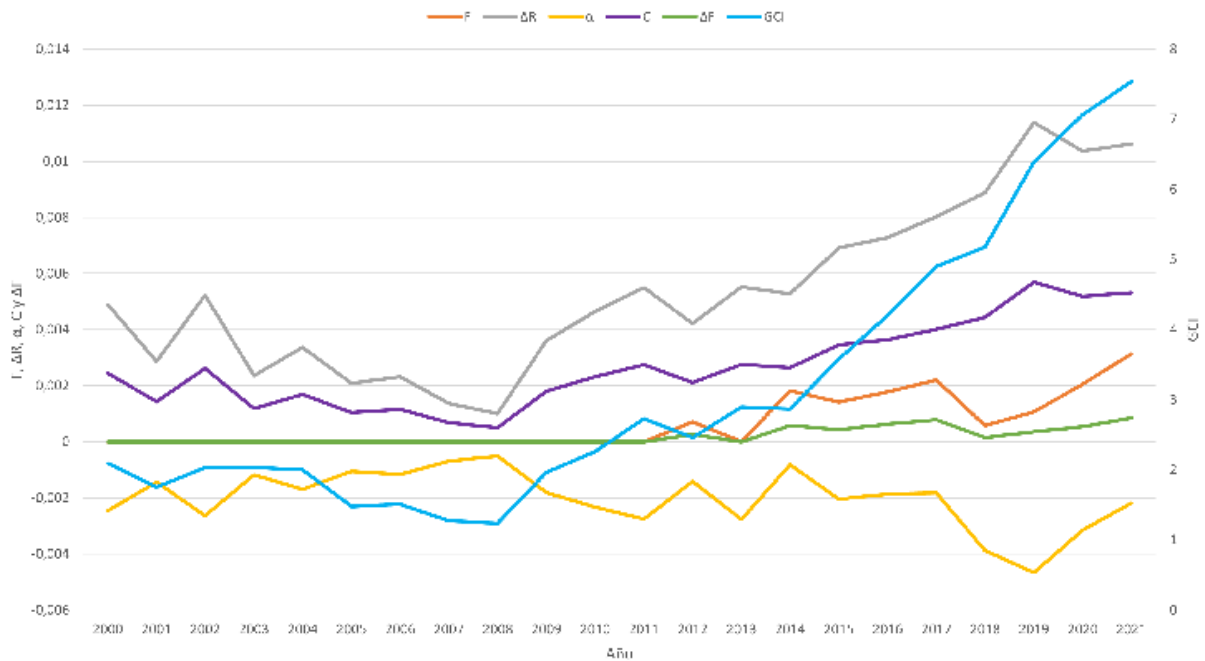
animales FF emparentados provenientes de embriones importados desde Francia. La consanguinidad encontrada no es considerada como un problema según las recomendaciones de (FAO, 1998). Valores similares han sido reportados en otras razas como Braford (0.04%) en Argentina (Macor, 2013).

Los valores de  $\Delta R$  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 II**. Por tanto, los parámetros de  $F$  y  $\Delta R$  podrían estar subestimados en este estudio. Resultados similares han sido publicados por (Macor, 2013) para la raza Brangus en Argentina y en la raza Curraleiro Pé Duro en Brasil (Ribeiro *et al.*, 2021).

El  $Ne$  evalúa los cambios en la variabilidad genética en el tiempo en razas con pedigrí incompleto o en aquellas poblaciones bovinas que mantienen el libro

**Tabla V.** Estadísticas del análisis de pedigrí de la población Charolais del Ecuador (Pedigree analysis statistics of the Charolais population of Ecuador).

Parámetro	Población histórica (4432)	Población actual (2769)
Coefficiente de consanguinidad, ( $F$ , %)	0.08	0.14
Promedio individual del incremento de la consanguinidad, ( $\Delta F$ , %)	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, ( $\Delta R$ , %)	0.57	0.72
Apareamiento no aleatorio, ( $\alpha$ )	-0.0020	-0.0023
Índice de conservación genética (GCI)	3.31	4.19



**Figura 3.** Evolución del coeficiente de consanguinidad, parentesco medio, non-random mating e índice de conservación genética por año en la raza Charolais (Evolution of the coefficient of consanguinity, average kinship, non-random mating and index of genetic conservation by year in the Charolais breed).

genealógico abierto (Bongiorno, 2014), 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 (Macor, 2013). 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 *et al.*, 2007) 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 (de Rezende *et al.*, 2020, Fabbri *et al.*, 2019). 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 (Rios-Utrera *et al.*, 2021).

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 (MacCluer *et al.*, 1983). 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 (Stachowicz *et al.*, 2011) y en la raza Charolais y Romo-

sinuano en México (Hidalgo *et al.*, 2021, Rios-Utrera *et al.*, 2021). 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, 1998).

#### PROBABILIDAD DE GENES Y CONTRIBUCIONES ANCESTRALES

En la **tabla VI** y **VII** se muestran los parámetros descriptivos de la probabilidad de genes y de diversidad genética de la población en estudio. El número de  $f_e$  es menor al número de fundadores que indican que las contribuciones genéticas de los fundadores están desbalanceadas. Mientras que los valores de  $f_e$  y  $f_a$  fueron similares a los publicados para esta misma raza en algunos países europeos (Bouquet *et al.*, 2011, de Rezende *et al.*, 2020) y superiores (37 y 281.9) a razas cebuinas en Brasil (Santana *et al.*, 2016). A través de la contribución marginal de los ancestros (**tabla IV** y **VI**) se puede observar las consecuencias del cuello de botella, en esta población los primeros 11 ancestros contribuyen con el 26.48% que explican el 25% de los genes de origen que se han reducido. Así mismo, 47 ancestros explican el 50% de los genes de origen, valor superior al compararlo con las poblaciones de Dinamarca, Irlanda y Suecia y cercano al 50% de la población de Francia (Bouquet *et al.*, 2011). Adicionalmente, la contribución marginal del primer ancestro (**tabla 3**) en las dos poblaciones explica entre el 4.57 y 4.02% de la diversidad genética de los animales con ambos padres conocidos en la población histórica.

La proporción  $f_a/f_e$  evalúa en qué medida la variabilidad genética disponible en la población fundadora se ha reducido debido a los cuellos de botella (Boichard

**Tabla VI. Probabilidades de origen de genes y análisis de fundadores** (Probabilities of gene origin and founder analysis).

Parámetro	Población de referencia (ambos padres conocidos) (n=2664)
Población histórica	4432
Población actual	2769
Población base (uno o más padres desconocidos)	1788
Población base actual (un padre desconocido= medio fundador)	1695.50
Número de fundadores que contribuyen a la población de referencia, n	1068
Número de ancestros que contribuyen a la población de referencia, n	1024
Número efectivo de no fundadores (Nef)	292.53
Número de fundadores equivalentes ( $f_e$ )	441.30
Número efectivo de ancestros ( $f_a$ )	106
Genomas fundadores equivalentes ( $f_g$ )	175.92
Relación $f_a/f_e$	0.24
Relación $f_g/f_e$	0.40
Relación $f_g/f_a$	1.66
Ancestros que explican el 25 % de la diversidad genética (n)	11
Ancestros que explican el 50 % de la diversidad genética (n)	47
Ancestros que explican el 75 % de la diversidad genética (n)	226

*et al.*, 1997), en el caso de la Charolais ( $f_d/f_e=0.24$ ) indica que esta población ha sufrido un cuello de botella con pérdidas similares a las poblaciones de Dinamarca y Suecia e inferiores a la de Francia (Bouquet *et al.*, 2011). Al comparar con las razas índicas de Brasil, esta fue relativamente menor, exceptuando la raza Brahman (0.14) (Santana *et al.*, 2016). Las pérdidas de diversidad genética (**tabla VII**) debido a la deriva genética y a los cuellos de botella fueron superiores a las generadas por la contribución desigual de los fundadores. Por otro lado, un valor bajo de la proporción  $f_g/f_a$  indica las pérdidas de la variabilidad genética debido a la deriva genética no relacionadas a los cuellos de botella, en este caso, el valor de  $f_g/f_a$  son aproximadamente tres veces superiores a las poblaciones de Charolais evaluadas en Europa (Bouquet *et al.*, 2011).

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 VIII**. Los valores de  $F_{IS}$  negativos indican que el promedio de la coancestría es mayor a la consanguinidad en las subpoblaciones (Gebremariam, 2013). Además tanto  $F_{IS}$  y  $F_{IT}$  indican una alta frecuencia de heterocigotos (valores negativos), efecto similar a la raza Braford en Sudamérica (González *et al.*, 2022) y razas en procesos de conservación como, la Lageana y Curraleiro Pe Duro (Pezzini *et al.*, 2018, Ribeiro *et al.*, 2021). 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 (González *et al.*, 2022).

El análisis de la estructura a nivel de hatos, 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 hatos, 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 me-

**Tabla VII. Medidas de diversidad genética y pérdidas de diversidad genética** (Measures of genetic diversity and loss of genetic diversity).

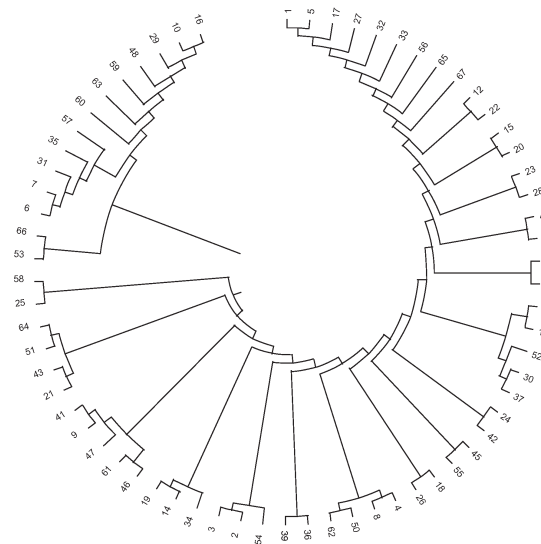
Parámetro	Población de referencia (ambos padres conocidos) (n= 2664)
Diversidad genética, GD (%)	99.72
Perdidas de diversidad genética, GDL (%)	0.28
Diversidad genética en la población de referencia considerada para computar la pérdida de diversidad genética debido a la contribución desigual de los fundadores, DG* (%)	99.89
GDL debido a los cuellos de botella y deriva genética desde los fundadores (GL) (%)	0.28
GDL debido a las contribuciones desiguales de los fundadores (%)	0.11



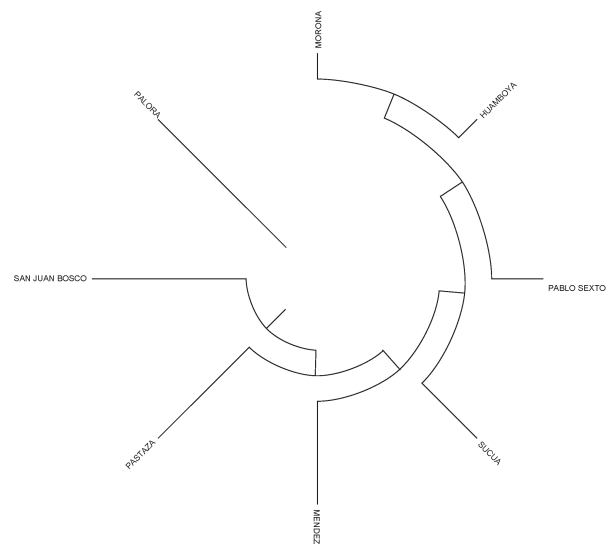
**Tabla VIII.** Estadísticas de fijación de Wright's y parámetros de heterocigocidad para los criterios de subdivisión de hatos, cantón, provincia y país (Wright's fixation statistics and heterozygosity parameters for herd, canton, province, and country subdivision criteria).

Parámetros	Hato	Cantón	Provincia	País
Subpoblaciones <sup>a</sup>	67	8	2	3
F <sub>IS</sub> (Coeficiente de consanguinidad relativo a la subpoblación)	-0.023134	-0.005360	-0.003015	-0.002614
F <sub>ST</sub> (Correlación entre gametos aleatorios extraídos de la subpoblación en relación con la población total)	0.020341	0.003014	0.000685	0.000610
F <sub>IT</sub> (Coeficiente de consanguinidad relativo a la población total)	-0.002322	-0.002329	-0.002328	-0.002002
Promedio de consanguinidad dentro de subpoblaciones	0.000995	0.000997	0.000996	0.000846
Número promedio de animales por subpoblación	66.15	554	2216	1477.33
Número de distancias genética de Nei	2211	28	1	3
Promedio de distancia de Nei	0.020274	0.003004	0.000683	0.000609
Promedio de Coancestría dentro de subpoblaciones	0.023584	0.006322	0.004000	0.003451
Auto-coancestría	0.500498	0.500498	0.500498	0.500423
Promedio de coancestría en la meta población	0.003310	0.003318	0.003317	0.002842

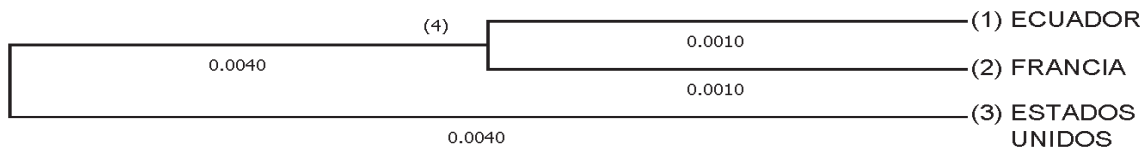
<sup>a</sup>Subpoblaciones/sublineas pueden ser determinadas si los hatos están agrupados en diferentes grupos



**Figura 4.** Dendrograma de los 67 hatos basado en la distancia genética de Nei (Dendrogram of the 67 herds based on Nei's genetic distance).



**Figura 5.** Dendrograma de los 9 cantones basado en la distancia genética de Nei (Dendrogram of the 9 cantons based on Nei's genetic distance).



**Figura 6.** Dendrograma de los 3 países hatos basado en la distancia genética de Nei (Dendrogram of the 3 herd countries based on Nei's genetic distance).

nor distancia (0.00152) fue entre Morona y Huamboya, todos cantones de la provincia de Morona Santiago.

## CONCLUSIÓN

La raza Charolais en el Ecuador se encuentra en proceso de establecimiento, su diversidad y estructura genética coincide con el comportamiento descrito en

otros países, considerándose 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; lo que permitirá 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.

## BIBLIOGRAFIA

- Agrocalidad. 2021. *Fiebre aftosa en el Ecuador* [Online]. [Accessed 21/12/2021].
- Alderson, G. I. H. 1992. *A system to maximize the maintenance of genetic variability in small populations*, wallingford.
- Boichard, D., maignel, I. & verrier, E. 1996. Pedigree analysis of the french dairy cattle breeds. *productions animales*, 9, 323-335.
- Boichard, D., Maignel, I. & Verrier, E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *genet sel evol*, 29, 5-23.
- Bongiorno, F. 2014. *Tamaño efectivo por subdivisión en los rodeos del núcleo selectivo de una raza*. universidad de buenos aires.
- Bouquet, A., Venot, E., Laloe, D., Forabosco, F., Fogh, A., Pabiou, T., Moore, K., Eriksson, J. A., Renand, G. & Phocas, F. 2011. Enetic structure of the european charolais and limousin cattle metapopulations using pedigree analyses. *j anim sci*, 89, 1719-30.
- Carneiro, P. L. S., Malhado, C. H. M., Euclides, R. F., Carneiro, A. P. S. & Cunha, E. E. 2017. Inbreeding, alleles fixation and selection limit in populations under traditional or marker assisted selection methods. *Revista brasileira de zootecnia*, 36, 369-375.
- Cavani, I., Silva, R. M. D. O., Carreño, I. O. D., Ono, R. K., Bertipaglia, T. S., Farah, M. M., Millen, D. D. & Fonseca, R. D. 2018. Genetic diversity of brazilian brahman cattle by pedigree analysis. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 53, 74-79.
- Corva, P. M., Colavita, M. I., Legaz, G. & Martinez, M. 2015. Genealogical and molecular analysis of an argentinean angus seedstock herd. *Bag, j. basic appl. genet.*, 26, 17-28.
- De rezende, M. P. G., Malhado, C. H. M., Biffani, S., Souza Carneiro, P. I. & Bozzi, R. 2020. 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*, 19, 762-771.
- Doublet, A. C., Restoux, G., Fritz, S., Balberini, I., Fayolle, G., Hoze, C., Laloe, D. & Croiseau, P. 2020. Intensified use of reproductive technologies and reduced dimensions of breeding schemes put genetic diversity at risk in dairy cattle breeds. *Animals (basel)*, 10.
- Dow, K. 1975. La ganadería de carne en el ecuador. In: *Agropecuarias*, i. n. d. i. (ed.). Quito: Departamento de comunicación del iniap.
- Fabrizi, M. C., de Rezende, M. P. G., Dadousis, C., Biffani, S., Negrini, R., Carneiro, P. I. S. & Bozzi, R. 2019. Population structure and genetic diversity of italian beef breeds as a tool for planning conservation and selection strategies. *Animals*, 9, 15.
- Falconer, D. S. & Mackay, t. 1996. *Introduction to quantitative genetics*.
- Fao 1998. *Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk*. Fao, Rome, Italy.
- Gadmm 2019. *Plan de desarrollo y ordenamiento territorial del cantón morona*.
- Gadpms 2011. *Actualización del diagnostico del podt del gad provincial morona santiago*.
- Gebremariam, W. 2013. *Characterization of the global brown swiss cattle population structure*. Degree master in animal science, swedish university of agricultural sciences.
- González, A. R. M., Navas González, F. J., Crudeli, G. Á., Delgado Bermejo, J. V., Camacho Vallejo, M. E. & Quirino, C. R. 2022. Process of introduction of australian braford cattle to south america: configuration of population structure and genetic diversity evolution. *Animals*, 12.
- Goyache, F., Gutierrez, J. P., Fernandez, I., Gomez, E., Alvarez, I., Diez, J. & Royo, J. 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: The xalda sheep breed of asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.*, 95-105.
- Gutierrez, J. P., Altarriba, J., Diaz, C., Quintanilla, R., Cañón, J. & Piedrafita, J. 2003. Pedigree analysis of eight spanish beef cattle breeds. *Genetics selection evolution*, 35, 43-63.
- Gutierrez, J. P., Cañón, J. & Rico, M. 1990. Aplicación de un método modificado de calculo del coeficiente de consanguinidad en una muestra del ganado vacuno frison español. *archivos de zootecnia*, 3-8.
- Gutierrez, J. P., Cervantes, I., Molina, A., Valera, M. & Goyache, F. 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. *Genetics selection evolution*, 40, 359-378.
- Gutierrez, J. P. & Goyache, f. 2005. A note on endog: A computer program for analysing pedigree information. *Journal of animal breeding and genetics*, 122, 172-176.
- Hidalgo, J., Cesarani, A., Garcia, A., Sumreddee, P., Larios, N., Mancin, E., Garcia, J. G., Nunez, R. & Ramirez, R. 2021. Genetic background and inbreeding depression in romosinuano cattle breed in mexico. *Animals*, 11, 20.
- Keogh, K., Carthy, T. R., McClure, M. C., Waters, S. M. & Kenny, D. A. 2021. Genome-wide association study of economically important traits in charolais and limousin beef cows. *Animal*, 15, 100011.
- Maccluer, J., Boyce, A., Dyke, B., Weitkamp, L., Pfennig, D. & Parsons, C. 1983. Inbreeding and pedigree structure in standardbred horses. *the journal of heredity*, 344-349.
- Macor, L. 2013. *Evaluación de la variabilidad genética mediante el número efectivo en braford argentino*. Master, universidad politecnica de valencia.
- mag 2009. acuerdo ministerial 02: aprobar el estatuto y personería jurídica de la asociación charolais de morona santiago.
- mag 2021a. acuerdo ministerial 038: autorizar a la asociación charolais de morona santiago la gestión de los registros genealógicos de la raza bovina charolais. in: *pecuaria*, s. d. p. (ed.). quito.
- mag 2021b. cambio de nomenclatura a asociación charolais del ecuador. maiwashe, a., nephawe, k. a., van der westhuizen, r. r., mostert, b. e. & theron, h. e. 2006. rate of inbreeding and effective population size in four major south african dairy cattle breeds. *south african journal of animal science*, 36, 50-57.
- mc parland, s., kearney, j. f., rath, m. & berry, d. p. 2007. inbreeding trends and pedigree analysis of irish dairy and beef cattle populations. *j anim sci*, 85, 322-31.
- meuwissen, t. & Luo, z. 1992. computing inbreeding coefficients in large populations. *genet sel evol*, 305-313.
- navas, f. j., jordana, j., leon, j. m., barba, c. & delgado, j. v. 2017. a model to infer the demographic structure evolution of endangered donkey populations. *animal*, 11, 2129-2138.
- pezzini, t., mariente, a. s., martins, e., paiva, s., seixas, l., costa, j. b. g., rolo, j. & mcmanus, c. 2018. population structure of brazilian crioula lageana cattle (bos taurus) breed. *revista colombiana de ciencias pecuarias*, 31, 93-102.
- qaas, r. l. 1976. computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix. *biometrics*, 949-953.
- reis filho, j. c., sávio lopes, p., da silva verneque, r., de almeida torres, r., teodoro, r. l. & souza carneiro, p. l. 2010. population structure of brazilian gyr dairy cattle. *r. bras. zootec.*, 30, 2640-2645.
- ribeiro, n. l., medeiros, g. r., nascimento, g. v., arandas, j. k. g. & ribeiro, m. n. 2021. analysis of the population structure of a cattle conservation nucleus curreleiro pé duro. *arq. bras. med. vet. zootec.*, 73, 231-238.
- rios-utrera, a., montano-bermudez, m., vega-murillo, v. e., martinez-velazquez, g., baeza-rodriguez, j. j. & roman-ponce, s. i. 2021. genetic diversity evolution in the mexican charolais cattle population. *anim biosci*, 34, 1116-1122.

- santana, m. l., jr., oliveira, p. s., eler, j. p., gutierrez, j. p. & ferraz, j. b. 2012. pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in brazilian marchigiana and bonsmara breeds. *j anim sci*, 90, 99-108.
- santana, m. l., pereira, r. j., bignardi, a. b., ayres, d. r., menezes, g. r. o., silva, l. o. c., leroy, g., machado, c. h. c., josahkian, l. a. & albuquerque, l. g. 2016. structure and genetic diversity of brazilian zebu cattle breeds assessed by pedigree analysis. *livestock science*, 187, 6-15.
- stachowicz, k., sargolzaei, m., miglier, f. & schenkel, f. s. 2011. rates of inbreeding and genetic diversity in canadian holstein and jersey cattle. *j dairy sci*, 94, 5160-75.
- vozzi, p. a., righetti marcondes, c., de ulhõa magnabosco, c., framartino bezerra, l. a. & barbosa lóbo, r. 2006. structure and genetic variability in nellore (*bos indicus*) cattle by pedigree analysis. *genetics and molecular biology*, 29, 482-485.
- williams, j. l., usha, a. p., urquhart, b. g. & kilroy, m. 1997. verification of the identity of bovine semen using dna microsatellite markers. *the veterinary record*, 140, 446-449.
- wright, s. 1922. coefficients of inbreeding and relationship. *american society of naturalists*, 56, 330-338.
- zapata, c. 2018. 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*.