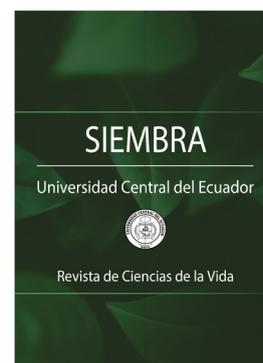


Estructura poblacional y diversidad genética de una pequeña población de ganado lechero de raza Montbéliarde en Ecuador

Population structure and genetic diversity of a small population of Montbéliarde dairy cattle in Ecuador

Oscar Jhonathan Guaman Ilvay¹, Luis Favian Cartuche-Macas², Edilberto Chacón Marcheco³, Rafael Alfonso Garzón Jarrín⁴, Clímaco Campuzano Carriel⁵, Manuel García Herreros⁶



Siembra 12 (1) (2025): e7131

Recibido: 29/08/2024 / Revisado: 12/09/2024 / 06/03/2025 / Aceptado: 10/03/2025

¹ Universidad Técnica de Cotopaxi, Unidad Académica de Posgrado. C.P. 050150. Latacunga, Cotopaxi, Ecuador.

✉ oscar.guaman@utc.edu.ec

 <https://orcid.org/0009-0000-2166-6678>

² Asociación Holstein Friesian del Ecuador. Conocoto. C.P. 170181. Quito, Pichincha, Ecuador.

✉ l.cartuchem@gmail.com

 <https://orcid.org/0000-0003-3278-1238>

Universidad Técnica de Cotopaxi, Unidad Académica de Posgrado. C.P. 050150. Latacunga, Cotopaxi, Ecuador.

³ Universidad Técnica de Cotopaxi, Unidad Académica de Posgrado. C.P. 050150.

 Latacunga, Cotopaxi, Ecuador.

✉ edilberto.chacon@utc.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0001-9590-6451>

⁴ Universidad Técnica de Cotopaxi, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales,

✉ Carrera de Medicina Veterinaria. C.P. 050150.

 Latacunga, Cotopaxi, Ecuador.

✉ rafael.garzon@utc.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0001-9055-3079>

⁵ Universidad Técnica Estatal de Quevedo, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Carrera de

✉ Agropecuaria. C.P. 120550. Quevedo, Los Ríos, Ecuador.

✉ ccampuzanoc@uteq.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0002-2976-2821>

⁶ Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P. Av. Professor Vaz Portugal 2005-

✉ 424. Vale de Santarém, Portugal.

 herrerosgm@gmail.com

<https://orcid.org/0000-0002-0911-6689>

* Autor de correspondencia:

✉ l.cartuchem@gmail.com

Resumen

En Ecuador, la Asociación Montbéliarde ha utilizado el método de cruzamiento por absorción, para la obtención de crías puras debido a las dificultades y costos elevados de otras opciones. El objetivo de este estudio fue analizar la diversidad genética y la estructura de la población registrada, para esto se consideraron los datos de la Asociación Montbéliarde constituida por 210 toros y 1584 vacas. La base de datos fue dividida en tres grupos: uno histórico, uno actual y uno de referencia. Se estimaron parámetros de estructura y diversidad genética complementados con un análisis de probabilidad de origen de genes. Para los cálculos se utilizó el programa ENDOG. La estructura y diversidad genética de la población Montbéliarde presentó valores adecuados para el desarrollo de un plan de mejora genética y tendría un futuro prometedor si se implementara políticas más integrales en la cría.

Palabras clave: análisis de históricos, consanguinidad, genética de poblaciones pequeñas, Montbéliarde, pedigrí.

Abstract

In Ecuador, the Montbéliarde Association has been using absorption crossbreeding methods to obtain purebred cattle offspring, due to the difficulties of importing embryos, and the high costs of other options. This study aimed to analyze the genetic diversity and structure of the registered population. We used data from the Montbéliarde Association, consisting of 1,794 animals (210 bulls and 1,584 cows). The database was divided into historical, current, and reference groups. Genetic structure and diversity parameters were analyzed, complemented by a gene origin probability analysis. The calculations were carried out using the ENDOG program. The genetic structure and diversity of the Montbéliarde population showed adequate values to develop a genetic improvement plan, which would have a promising future if more comprehensive breeding policies were implemented.

Keywords: historical analysis; inbreeding; small population genetics; Montbéliarde; pedigree.

SIEMBRA

<https://revistadigital.uce.edu.ec/index.php/SIEMBRA>

ISSN-e: 2477-8850

Periodicidad: semestral

vol. 12, núm 1, 2025

siembra.fag@uce.edu.ec

DOI: <https://doi.org/10.29166/siembra.v12i1.7131>



Esta obra está bajo una licencia internacional Creative Commons Atribución-NoComercial

1. Introducción

La raza Montbéliarde es originaria de Francia y se caracteriza por su buena calidad de leche, adaptación a forrajes secos, calidad muscular, su resistencia a grandes amplitudes térmicas, así como su fertilidad y longevidad (Barbat et al., 2010; Boichard et al., 2012; Mihai et al., 2020). Esta raza fue introducida al Ecuador en la década de 1990, con el fin de aprovechar el vigor híbrido, principalmente con cruces con la raza Holstein Friesian. Su introducción se efectuó a través de semen congelado dada la dificultad de importar animales y embriones desde su país de origen. Posteriormente se inició la gestión del libro genealógico entre la Asociación Montbéliarde y Holstein Friesian del Ecuador, proceso que se lleva hasta la actualidad.

Uno de los pilares fundamentales de los programas de mejoramiento genético es conservar y/o mantener la diversidad genética de las poblaciones. Esta diversidad puede ser evaluada a través de información genealógica (Gicquel et al., 2020), la cual permite estimar parámetros de la estructura y de diversidad genética de las poblaciones, como la consanguinidad (Wright, 1922), intervalo generacional (James, 1977), tamaño efectivo de la población (Cervantes et al., 2011), entre otros. En la actualidad, el desarrollo de la genética molecular ha proporcionado nuevas herramientas para estimar estos parámetros con mayor precisión, a partir de información genómica (Oldenbroek, 2017). Además, se han creado diversos programas informáticos libres para el análisis de la información genealógica, tales como Endog (Gutiérrez y Goyache, 2005), CFC (Sargolzaei et al., 2006), POPREP (Groeneveld et al., 2009), entre otros.

A nivel mundial, tanto en razas bovinas especializadas como de conservación, se ha evidenciado una pérdida significativa de diversidad genética a lo largo del tiempo, a pesar de contar con sólidos programas de mejoramiento genético (Ablondi et al., 2023; Cartuche-Macas et al., 2024a; Tenhunen et al., 2024). Este fenómeno se ha intensificado particularmente en la última década, debido a la implementación de la selección genómica (Lozada-Soto et al., 2021; Luštrek et al., 2021; Scott et al., 2021). En Ecuador, los estudios en esta área son aún limitados. Por ejemplo, Cartuche et al. (2014) estimaron la consanguinidad en las poblaciones de las razas Jersey y Brown Swiss. Sin embargo, en la raza Charolais se han realizado investigaciones más completas en los últimos años (Cartuche-Macas et al., 2024b; Lozada et al., 2023).

En este contexto, dado que la raza Montbéliarde en Ecuador no cuenta con un plan de mejoramiento genético, es probable que no se considere el parentesco entre los animales durante los apareamientos, que puede conducir a una pérdida de diversidad genética y a un incremento de la consanguinidad, tanto a nivel individual como poblacional causando efectos negativos a futuro (Falconer y Mackay, 1996). El objetivo de este estudio fue analizar la diversidad genética y la estructura de la población registrada de la raza Montbéliarde en Ecuador, utilizando parámetros como el coeficiente de consanguinidad, el intervalo generacional, la coancestría, el parentesco medio y la probabilidad de origen de genes.

2. Materiales y Métodos

2.1. Información genealógica

Los datos de información genealógica fueron proporcionados por la Asociación de criadores de raza Montbéliarde del Ecuador. En total se utilizaron 1.794 animales registrados que incluyeron 210 toros y 1.584 vacas, nacidos entre noviembre de 1969 y diciembre de 2021 (incluidos animales importados vía semen). Para el análisis se consideró tres poblaciones; una histórica (nacidos entre 1969-2021), una actual (nacidos entre 2011-2021) que incluyó 896 animales (38 toros y 858 vacas), y una de referencia que incluyó animales con padres conocidos de la población actual con 472 animales (38 toros y 434 vacas). Las poblaciones se definieron debido a que los cálculos relacionados con la diversidad genética, las probabilidades de origen genético y los análisis de fundadores solo se pueden realizar considerando únicamente animales con ambos padres conocidos o comparándolos con los conjuntos de datos históricos y actuales como lo sugiere Casanovas Arias et al. (2020); Navas et al. (2017).

Se utilizó el software ENDOG (v4.8) para realizar análisis demográficos y genéticos para cuantificar y rastrear la diversidad genealógica hasta los ancestros (Gutiérrez et al., 2005).

2.2. Estructura de la población

Se calculó el número de nacimientos para determinar el número máximo y medio de crías por toro o vaca. La proporción vaca/toro total y apareada también se calculó dividiendo el total de vacas por el total de toros y las vacas reproductoras entre los toros reproductores, respectivamente. Además, se calculó el índice de integridad del pedigrí [PCI] siguiendo las premisas de Navas et al. (2017) desde la primera a la quinta generación, el número de generaciones máximas, número de generaciones completas y número de generaciones equivalentes en las tres poblaciones en estudio.

El intervalo generacional I [IG] se calculó para las cuatro vías gaméticas: de padre y de madre a hijo y a hija, respectivamente, utilizando el registro de fecha de nacimiento de cada animal junto con el de sus padres (James, 1977). Paralelamente, se evaluó el flujo genético entre rebaños según la contribución de los toros a la población (Vassallo et al., 1986). Los rebaños se agruparon en cuatro tipos: a) núcleo, si los reproductores sólo utilizan sus propios toros, que también pueden enviarse a otros rebaños; b) multiplicador, cuando los criadores utilizan toros de otros rebaños y los proporcionan a otros rebaños; c) comercial, si los criadores utilizan toros de otros rebaños, pero no entregan toros; y, d) aislado, cuando los criadores sólo utilizan toros propios y no los proporcionan a otros rebaños.

2.3. Consanguinidad y coancestría

La consanguinidad [F] se define como probabilidad de que dos alelos tomados al azar sean idénticos por descendencia; mientras que la coancestría [C] entre dos individuos es la probabilidad de que los genes, tomados al azar de cada uno de los individuos en cuestión, sean idénticos por descendencia [IBD] (Lindgren et al., 1996). Como resultado, la C entre dos individuos es la F de su descendencia potencial. El F individual se calculó utilizando los métodos descritos en Meuwissen y Luo (1992).

El coeficiente de parentesco promedio de cada individuo [AR] se calculó como Gutiérrez et al. (2005), y se refiere a la probabilidad de que dos individuos relacionados hayan heredado un alelo particular de un locus/gen único de su ancestro común (dicho alelo se conoce como IBD).

La tasa individual de endogamia [para cada generación se calculó de acuerdo con Gutiérrez et al. (2009) dado en la ecuación [1], donde, t_b es el número de generaciones equivalentes completas y F_b es el F del individuo b.

$$\Delta F_b = 1 - t_b^{-1} \sqrt{1 - F_b} \quad [1]$$

La tasa individual de coancestría [] para cada generación se calculó siguiendo los métodos descritos por Cervantes et al. (2011) mediante la ecuación [2], donde t_b y t_a son el número de generaciones completas equivalentes, y C_{ba} es la C para los individuos b y a.

$$C_{ba} = 1 - \frac{t_b + t_a}{2} \sqrt{1 - C_{ba}} \quad [2]$$

2.4. Contribuciones ancestrales y probabilidades de origen de genes

El número efectivo de fundadores [f_e], fue calculado usando la ecuación [3], donde q_k es la probabilidad de origen de genes del k^{th} fundador y f es el número real de fundadores (Lacy, 1989).

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2} \quad [3]$$

El número efectivo de ancestros [f_a], fue determinado con la ecuación [4]; donde p_k es la contribución marginal de un k^{th} ancestro (Boichard et al., 1997). El número efectivo de genomas fundadores [f_g] fue calculado como la inversa de dos veces el promedio de C, como reportó Caballero y Toro (2000). La contribución marginal de cada ancestro mayor j fue calculado de acuerdo con Boichard et al. (1997).

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^f p_k^2} \quad [4]$$

Se utilizó el programa CFC versión 1.0 para calcular las contribuciones ancestrales y probabilidades de origen de genes (Sargolzaei et al., 2006).

3. Resultados y Discusión

3.1. Estadísticas demográficas

El número promedio de rebaño se redujo de 50 hatos a 41 en la población actual. El tamaño promedio del rebaño también se redujo de 35,88 a 21,85 animales por rebaño, en los mismos conjuntos de datos de población, respectivamente, esto posiblemente se produjo a que se redujo el interés de los criadores por el uso de esta raza. Si bien el porcentaje total de toros y vacas históricamente constituyó el 11,71% y el 88,29%, respectivamente, estos porcentajes aumentaron al 4,24% para los toros y al 95,76% para las vacas en la población actual, respectivamente. El número promedio de terneros por toro apareado aumentó de 8,33 a 12,05, desde la población histórica a la actual, mientras que el número promedio de terneros por vaca apareada fue de 1,38 y 1,58 se mantuvo constante. La proporción de vacas por toro apareado aumentó de 3,27 1^{-1} a 3,43 1^{-1} . La intensidad de selección de machos aumentó de 22,61% a 62,50%, de la población histórica a la actual, mientras que la intensidad de selección de hembras se redujo a la mitad de los valores históricos en la población actual (86,21% a 46,15%). La progenie máxima por toro 107 y vaca 5 en la población histórica disminuyó considerablemente en la población actual a un número por toro apareado de 13, y disminuyó ligeramente para las vacas apareadas a un número de 3, respectivamente, como se muestra en la Tabla 1.

Tabla 1. Resumen de estadísticas demográficas.

Table 1. Summary of demographic statistics.

Parámetros	Población	
	Histórica	Actual
	1794	(896)
Número total de hatos	50	41
Número total de provincias	5	5
Promedio de tamaño de hato	35,88	21,85
% de toros en total	11,71	4,24
Promedio del número de terneros por toro, n	7,61	2,63
Máximo número de terneras por toro apareado, n (animales con padre desconocido excluidos)	107	13
Promedio de terneras por toro apareado, n (animales con padre desconocido excluidos)	8,33	12,05
Porcentaje de vacas en total, %	88,29	95,76
Promedio de terneros por vaca, n	0,55	0,26
Máximo número de terneras por vaca apareado, n (animales con padre desconocido excluidos)	5	3
Promedio de terneras por vaca apareado, n (animales con padre desconocido excluidos)	1,38	1,58
Proporción vaca/toro	7,541	30,64/1
Proporción de vaca/toro apareado	3,27/1	3,43/1
Descendencia de toros seleccionados para cría, %	91,43	96,63
Descendencia de vacas seleccionados para cría, %	39,71	45,85

El análisis del censo poblacional consideró los animales nacidos desde el año 1995, en el cual se fundó la Asociación Montbéliarde del Ecuador, los registros previos se refieren a la información genealógica de los ascendientes. A partir de este año se produce un crecimiento sostenido hasta el año 2012, a partir del cual su descenso ha sido acelerado llegando al año 2021 a registrar tan solo 19 animales. Este efecto posiblemente se deba a la crisis de los productores lecheros en el Ecuador que ha sufrido en los últimos años especialmente con respecto a los altos costos de producción, precio de sustentación fijado (sin control), bajo consumo per cápita, uso de suero de leche y abigeato (Bonilla Jurado, 2020; ESPAE Graduate School of Management, 2016; Ministerio de Agricultura, Ganadería, Acuacultura y Pesca [MAGAP], 2016; Pais Chanfrau et al., 2017; Superintendencia de control del poder de mercado, 2015). Adicionalmente, se produjo una reducción considerable

de la proporción de toros y un ligero incremento en la proporción de vacas, que afectaron de forma indistinta al número de terneros por toro y vaca apareada, respectivamente esto se debió posiblemente al uso exclusivo y reducido de toros importados vía dosis seminales y en el caso de las vacas al mejoramiento de las prácticas reproductivas, así como por el interés de los productores en retener más hembras para reemplazo. Un efecto contrario fue publicado para la raza Braford con fines cárnicos, en la cual existe un mayor interés en los machos (González et al., 2022).

En la Tabla 2 se muestra la integridad de pedigrí de las poblaciones en estudio. La integridad del pedigrí de la primera generación en la población histórica fue de 68,81% que se incrementó a 75,11% en la población actual. En la segunda y tercera generación fue de 44,82-26,19 y la actual de 67,77%-57,76%, para las dos poblaciones respectivamente (Figura 1). En las generaciones siguientes se produjo un decrecimiento progresivo llegando a 3,63 y 22,98% en la quinta generación para las dos poblaciones.

Tabla 2. Estadísticas de integridad del pedigrí.

Table 2. Pedigree completeness statistics.

Parámetro	Población	
	Histórica	Actual
Tamaño de población	1794	896
Número máximo de generaciones, n	10	10
Integridad del pedigrí en la 1 generación, (padres conocidos)	68,81	75,11
Integridad del pedigrí en la 2 generación, (abuelos conocidos)	44,82	67,77
Integridad del pedigrí en la 3 generación, (bisabuelos conocidos)	26,19	57,76
Integridad del pedigrí en la 4 generación, (tatarabuelos conocidos)	13,03	37,88
Integridad del pedigrí en la 5 generación, (Tas tatarabuelos conocidos)	3,63	22,98
Numero de generaciones máximas (promedio \pm DS)	4,35 \pm 2,10	5,53 \pm 1,63
Numero de generaciones completas (promedio \pm DS)	0,70 \pm 0,85	0,86 \pm 0,95
Numero de generaciones equivalentes (mean \pm SD)	2,15 \pm 1,19	2,71 \pm 1,10

Las generaciones trazadas para esta raza es muy grande al compararla con el inicio de la formación de esta raza en el Ecuador (1995-2000), esto se debe a que dentro de la asociación se tiene como práctica común el registro de la información de sus certificados genealógicos (generalmente 3 generaciones de ancestros), este efecto también se puede observar en la Figura 1, donde los ancestros conocidos por la vía paterna en la población actual están entre 69,87%-96,76% mientras que por la vía materna los ancestros conocidos se encuentran por debajo del 50%. De igual manera en las dos poblaciones analizadas se produjo un descenso progresivo del nivel de completitud hasta la 5ª generación llegando a valores de 3,63% y 22,98% para la población histórica y actual, respectivamente, este efecto también ha sido observado en otras razas lecheras como la Holstein (Sieklicki et al., 2020).

La precisión y confiabilidad del análisis de la estructura de una población depende de la integridad del pedigrí y de la cantidad de información genealógica entre las generaciones que se disponga Vázquez-Loaiza et al. (2021), adicionalmente MacCluer et al. (1983), considera que un pedigrí con un valor superior a 0,6 en el nivel de integridad del pedigrí produce estimaciones confiables de la consanguinidad, mientras que valores menores estimarán valores imprecisos. En el caso de la raza Montbéliarde, en la población actual solamente la primera y segunda generación mostraron valores de integridad del pedigrí superiores a 0,6 (Tabla 2). Valores similares se encontraron en razas en formación como es el caso de la Braford en Argentina (Macor, 2013), en la raza Holstein en el sureste de Brasil (Sieklicki et al., 2020) y en razas cárnicas como la Brahman en Costa Rica (Vázquez-Loaiza et al., 2021). También el efecto de un valor bajo en la integridad de pedigrí puede ser sopesado con el uso de metodologías en las que se considera al tamaño de familia como una variable con distribución bivariada discreta como lo reportado en la raza Brangus de Argentina (Ron Garrido et al., 2008). De la misma manera el incremento de las generaciones completas equivalentes (2,15 a 2,71), y el promedio de padres conocidos de la población histórica y actual, refleja que la calidad del pedigrí está mejorando, aunque no al ritmo de otras razas como Brown Swiss (Hagger, 2005) o la Negra Japonesa (Honda et al., 2004). Esto posiblemente se debe al manejo de un libro abierto para esta raza y que se estén registrando animales sin padre/s conocidos.

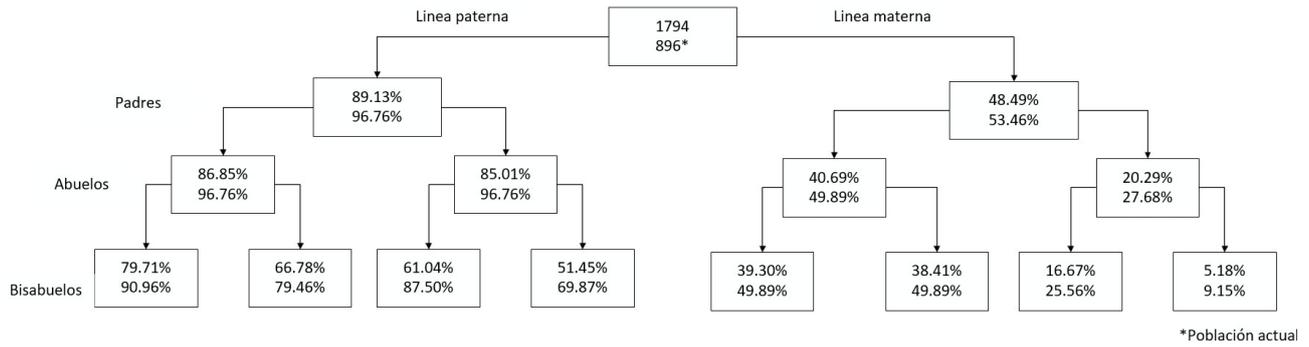


Figura 1. Número total de animales en el pedigree con el porcentaje ancestros conocidos en la población histórica y actual.

Figure 1. Total number of animals in the pedigree with the percentage of known ancestors in the historical and current population.

En la Tabla 3 se presenta las estadísticas descriptivas del IG (años) para las cuatro rutas gaméticas en la raza bovina lechera Montbéliarde. El IG promedio de la población histórica fue de 7,41 años, mientras que la población actual fue de 3,92 años. El IG de la raza Montbéliarde fue de 7,17 y 7,9 años para la población histórica y actual, respectivamente, que fueron valores mayores a los encontrados para esta misma raza en Francia, de 6,2 años para el año 2012 (Danchin-Burge et al., 2012) y de 5,3 años para los años 2021-2023 (Institut de l'Élevage [IDELE] 2021, 2023). En cuanto a la vía padre a hijo/hija se encontró que se ha producido una ligera reducción, al comparar el IG en la vía padre-hijo/a de la población histórica (7,41-8,19 años, respectivamente) con la vía madre-hijo/a histórica (8,76-4,18 años, respectivamente) el primero fue más largo. Esta tendencia fue similar en algunas razas como la Simmental en México y Colombia (8,5-6,5 años por la vía padre-hijo/a; 5,9-5,4 años por la vía madre-hijo/a) (Ríos Utrera et al., 2018); Shorton en Japón (7,5-9,4 años por la vía padre-hijo/a; 6,6-6,6 años por la vía madre-hijo/a) (Uemoto et al., 2021) y Holstein en Brasil (7,0-8,5 años por la vía padre-hijo/a; 5,6-4,1 años por la vía madre-hijo/a) (Sieklicki et al., 2020).

Tabla 3. Intervalo generacional (años) de las cuatro rutas gaméticas en la raza Montbéliarde en Ecuador.

Table 3. Generation interval (years) of the four gametic pathways in the Montbéliarde breed in Ecuador.

Población	Ruta gamética*	Padre a hijo	Madre a hijo	Padre a hija	Madre a hija	Total
Histórica (n=1794)	N	167	159	514	275	1115
	Promedio	7,41	8,76	8,19	4,18	7,17
	DS	3,28	3,86	4,68	2,05	4,23
	ESM	±0,254	±0,306	±0,206	±0,124	±0,127
Actual (n=896)	n	32	32	153	100	317
	Promedio	3,92	6,37	11,43	4,27	7,90
	DS	2,14	2,51	4,30	2,18	4,85
	ESM	±0,38	±0,44	±0,76	±0,39	±0,27

* DS = Desviación estándar / Standard deviation; ESM = error estándar de la media / Medium standard error.

Un IG largo por la vía padre indica que en la raza Montbéliarde en Ecuador se está usando material genético de padres de edad elevada, por ejemplo, en animales nacidos en 2018 se observan padres nacidos entre 2002 y 2007 (datos no mostrados), importados vía dosis seminales desde Francia. Entre las razones del uso de reproductores de edad elevada puede estar por la mayor confiabilidad de las pruebas genéticas (mayor cantidad de hijas en la evaluación genética), que los toros hayan mantenido valoraciones genéticas superiores dentro de la raza o el costo que el productor está dispuesto a pagar. Generalmente este problema sucede en países donde casi de forma exclusiva se importa semen probado para la mejora genética de sus poblaciones, esto quiere decir, que haya pasado por una prueba de progenie y haya sido usado de forma amplia tanto a nivel nacional como internacional (por ejemplo, evaluación en INTERBULL) (Sieklicki et al., 2020).

Paralelamente a la llegada de las valoraciones genómicas para esta raza al Ecuador (2014-2015) se observa una disminución considerable del IG de la población actual por la vía padre hijo (3,92 años) y la vía

madre-hijo (6,37 años), y al analizar dentro de la base de datos de los animales nacidos en 2021 existen padres nacidos en 2018 (datos no mostrados), justificando de esta manera esta reducción. Por otro lado, también se observó que la vía madre-hija en la población histórica fue la más baja (4,18 años) con un ligero incremento en la población actual (4,27 años). Valores similares han reportado razas como Holstein en Brasil, España y EUA (4,1- 3,77 y 3,5 años, respectivamente) (García-Ruiz et al., 2016; Rodríguez-Ramilo et al., 2015; Sieklicki et al., 2020). Estos valores indican que los criadores podrían estar manejando una tasa de reemplazo alta en hembras dentro de los hatos, considerando que esto puede afectar la vida productiva y rentabilidad del hato en general (García-Ruiz et al., 2016).

En la Tabla 4 se muestra la clasificación de hatos según el origen de uso de los padres. En este caso, no se encontró hatos que funcionan como núcleos; un solo hato pudo ser considerado como multiplicador y la mayoría de los hatos fueron comerciales debido a que utilizan semen importado.

Tabla 4. Clasificación de los rebaños según el origen y uso de los padres la raza Montbéliarde.

Table 4. Classification of herds according to the origin and use of Montbéliarde sires.

Tipo de hato	Semen usado de padres nacidos en otro hato	Semen usado de padres nacidos dentro del hato	Toros vendidos para reproductores	Numero de hatos
Núcleo	No	Si	Si	0
Multiplicador	Si	Si	Si	1
Multiplicador	Si	No	Si	0
Comercial	Si	Si	No	0
Comercial	Si	No	No	21
Aislados	No	Si	No	0

En Ecuador, la raza Montbéliarde al no disponer de un programa de mejoramiento genético y usar material genético importado en la vía paterna, se corroboró que solo existen rebaños comerciales. (Tabla 4). Estos resultados fueron similares en la raza Romosinuano introducida en México (con excepción de la cantidad de multiplicadores que fue mayor, que indica que esta raza está en crecimiento) y la raza Holstein Friesian introducida en Brasil (Magalhães Araújo da Silva et al., 2016; Núñez-Domínguez et al., 2020).

3.2. Consanguinidad

En la Tabla 5 se presenta los resultados por promedio de F, ΔF , máximo F, consanguinidad y animales altamente consanguíneos (%), C, ΔR , y GCI. El F promedio fue bajo (0,43% en la población histórica y 0,53% en la población actual) y solo estuvo presente un porcentaje bajo de animales altamente consanguíneos (F máximo del 25%). El porcentaje de animales consanguíneos fue de 0,23% y 0,11%; el C promedio fue de 1,31% y 1,46% (Tabla 4). El F promedio alcanzó un máximo de 2,5% en 1984 y 1987, mientras que el máximo de coancestría promedio de 1,79% se alcanzó en 2015. Existen apareamientos entre animales altamente consanguíneos, se ha producido 1 (0,06%) apareamiento entre hermanos completos y 4 (0,22%) apareamientos entre medios hermanos. El índice de conservación genética pasó de 3,09 en la población histórica a 3,65 en la población actual.

En la Figura 2 se muestra la tendencia de la consanguinidad desde la formación de la Asociación Montbéliarde del Ecuador, con varios picos desde 1999 que podrían atribuirse al registro de animales provenientes del cruzamiento entre animales de la población base, así como al número reducido de toros utilizados en estos periodos. Este efecto también fue encontrado en la raza Holstein en el sureste de Brasil (Sieklicki et al., 2020). El promedio de consanguinidad actual de la raza es de 0,53% y del incremento de consanguinidad es de 0,14%, valores relativamente superiores a la raza Charolais en Ecuador (0,14% y 0,044%, respectivamente) (Lozada et al., 2023). Esto posiblemente se deba a que la raza Charolais está recientemente conformada y estructurada en relación con la raza Montbéliarde. Al comparar con otras razas especializadas en leche de otros países los valores obtenidos son bajos, debido a que esta raza en Ecuador no ha pasado por un proceso objetivo de mejoramiento genético, esto a pesar de que la raza está presente desde 1995. Por ejemplo, la raza Montbéliarde en Francia de donde es originaria, en los últimos 10 años tiene un promedio de consanguinidad de 5,5% (IDELE, 2023). En el caso de otras razas como Holstein, Jersey, Brown Swiss, los valores también son superiores (Sieklicki et al., 2020; Tenhunen et al., 2024). De igual manera, en razas locales o en conservación como Guzerat,

criollo tropical lechero y Gyr, entre otras (Peixoto et al., 2021; Rosendo Ponce et al., 2018; Wang, 2015). Este efecto podría deberse también a que la integridad del pedigrí es baja aún en la línea materna actualmente.

Tabla 5. Resumen de estadísticas de análisis de pedigrí.

Table 5. Summary of pedigree analysis statistics.

Parámetro	Población	
	Histórica (n=1794)	Actual (n=896)
Coefficiente de consanguinidad (F, %) (promedio \pm DS)	0,43 \pm 1,60	0,53 \pm 0,011
Promedio del incremento individual en la consanguinidad (Δ F, %) (promedio \pm DS)	0,14 \pm 0,76	0,14 \pm 0,003
Máximo coeficiente de consanguinidad (%)	25	12,50
Animales consanguíneos (%)	19,50	35,27
Animales altamente consanguíneos (%)	0,23	0,11
Promedio de coeficiente de coancestría (C, %) (promedio \pm DS)	1,31 \pm 0,67	1,46 \pm 0,60
Promedio de coeficiente de parentesco medio (Δ R, %) (promedio \pm DS)	2,63 \pm 1,35	2,91 \pm 0,012
Índice de conservación genética (GCI) (promedio \pm DS)	3,09 \pm 2,29	3,65 \pm 2,62

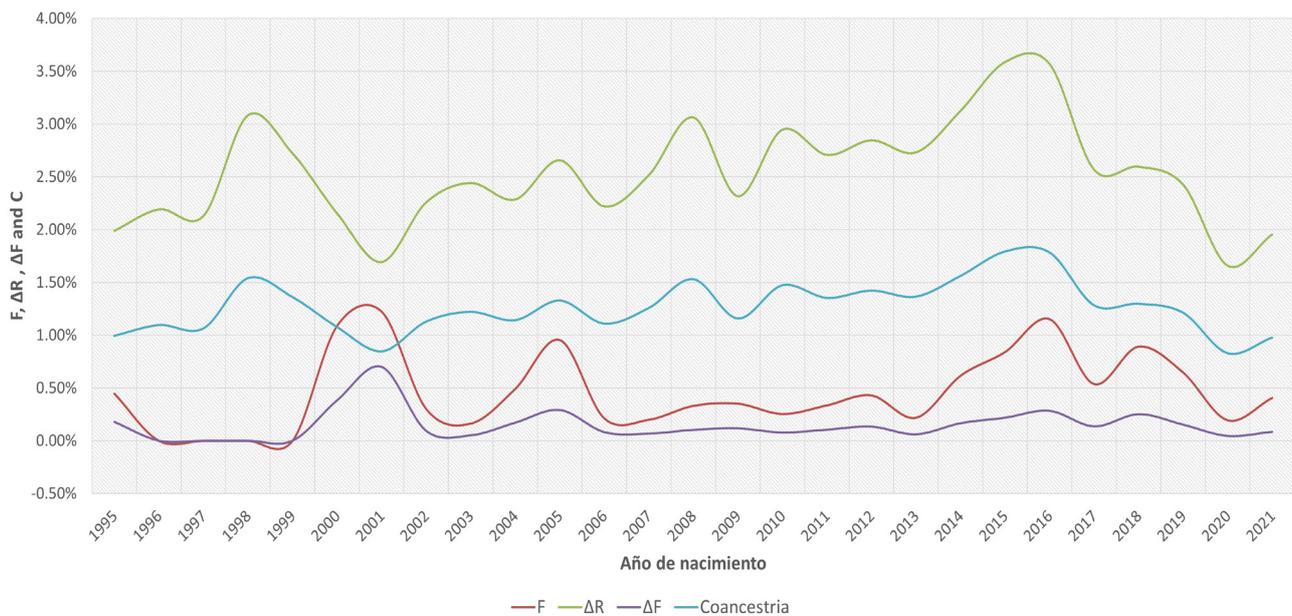


Figura 2. Evolución de la consanguinidad, parentesco medio, incremento de consanguinidad y coancestría de la raza Montbéliarde en Ecuador.

Figure 2. Evolution of inbreeding, average relatedness, inbreeding rate, and co-ancestry of the Montbéliarde breed in Ecuador.

3.3. Probabilidad de origen genes y contribuciones ancestrales

Los resultados para el análisis de la probabilidad de origen de genes y contribuciones ancestrales se muestran en las Tablas 6 y 7. En cuanto a la probabilidad de origen de genes la proporción de fe/fa y fg/fe mostraron valores de 3,79 y 0,24, respectivamente. El valor de fe/fa indica que la población se ha mantenido estable al considerar los animales que contribuyen de manera efectiva a la población. Mientras que los ancestros que explican entre el 25% - 50% y 75% fueron de 4-10 y 38, respectivamente.

Considerando la contribución genética marginal acumulada, en la población histórica los 10 primeros ancestros explican el 45,95% de la diversidad genética, mientras que en la población actual el 40,75%. Por otra parte, la contribución genética individual de un solo ancestro Martien explicó el 8,05% de la diversidad genética en la población histórica, mientras que en la población de referencia el toro Gardian explicó el 6,35%, como se muestra en la Tabla 7.

Tabla 6. Probabilidades de origen de genes y análisis de fundadores.*Table 6. Probabilities of gene origin and founder analysis.*

Parámetros	Población de referencia (ambos padres conocidos) (n=472)
Población histórica	1794
Población actual	896
Población base (uno o más padres desconocidos)	937
Población base actual (un padre desconocido = medio fundador)	559,5
Numero de fundadores que contribuyen a la población de referencia, n	329
Numero de ancestros que contribuyen a la población de referencia, n	246
Numero efectivo de no fundadores (N_{ef})	37,36
Numero de fundadores equivalentes (f_e)	113,99
Numero efectivo de ancestros (f_a)	30
Genomas fundadores equivalentes (f_g)	28,14
Proporción de f_e/f_a	3,79
Proporción de f_g/f_e	0,24
Ancestros que explican 25 % de la diversidad genética (n)	4
Ancestros que explican 50 % de la diversidad genética (n)	10
Ancestros que explican 75 % de la diversidad genética (n)	38

Tabla 7. Descripción de los diez principales ancestros que más han contribuido a la población histórica y a la población actual de la raza Montbéliarde en el Ecuador.*Table 7. Description of the ten main ancestors* that have contributed the most to the historical population and the current population of Montbéliarde breed in Ecuador.*

Nombre	Año de nacimiento	Sexo	No. de descendientes	CG (%)	CGA (%)
Población histórica					
MARTIEN	1976	Macho	8	8,05	8,05
FAUCON	1990	Macho	16	7,70	15,74
GARDIAN	1991	Macho	15	6,50	22,25
EZOZO	1989	Macho	17	5,18	27,43
MICMAC	1996	Macho	19	4,13	31,56
ISANGRIN	1993	Macho	6	3,69	35,25
LAURINE	1990	Hembra	1	3,00	38,26
TELLA	1976	Hembra	2	2,92	41,17
LECUYER	1995	Macho	13	2,55	43,73
INEUSION	1991	Hembra	1	2,22	45,95
Población actual					
GARDIAN	1991	Macho	15	6,35	6,35
FAUCON	1990	Macho	16	5,99	12,33
MICMAC	1996	Macho	19	5,95	18,28
EZOZO	1989	Macho	17	4,02	22,31
LECUYER	1995	Macho	13	4,02	26,32
BOIS LE VIN	1979	Macho	21	3,81	30,13
ISANGRIN	1993	Macho	6	3,47	33,60
SATURNE	2001	Macho	54	2,76	36,35
INEUSION	1991	Hembra	1	2,35	38,71
VALFIN JB	2004	Macho	54	2,04	40,75

La relación de *fe/fa* estimada en la población actual Montbéliarde de Ecuador es similar a la población de Francia (3,79 vs 3,82) (IDELE, 2023), esto podría deberse a que la población de Ecuador en su gran mayoría posee ancestros de origen francés. Además, la contribución del ancestro principal es de 8,05%, y 10 ancestros explican el 50% de la diversidad genética en comparación con la población de Francia, que fue de 15,1% y 6 ancestros explican esta misma diversidad genética (IDELE, 2023). Esto se produce debido a que la profundidad del pedigrí es mayor en la población de Francia con respecto a la ecuatoriana; al igual que la cantidad de descendientes. En cuanto a los ancestros que contribuyen genéticamente a la población son coincidentes, Gardian con 6,35% (1), Faucon con 5,99% (2), Micmac con 5,95% (3), en comparación con Francia que ocuparon el puesto 8 con 3,4%, 7 con 4,2%, y 6 con 4,5%.

De manera general estos resultados obtenidos permitirán establecer estrategias que eviten la pérdida de diversidad genética y garantizar la sostenibilidad de esta población en el país.

4. Conclusiones

El análisis de la información genealógica de la población Montbéliarde mostró valores adecuados de diversidad genética y estructura poblacional. Por otro lado, la consanguinidad y su incremento mostraron un incremento progresivo en la población actual por debajo de los niveles recomendados por la FAO. Sin embargo, se recomienda implementar estrategias que permitan maximizar la diversidad y el progreso genético, dentro de un plan de mejoramiento genético.

Agradecimientos

Un agradecimiento a todos los estudiantes de grado y posgrado colaboraron en la estructuración de la base de datos.

Financiamiento

Este trabajo de investigación fue financiado por la Asociación Holstein Friesian del Ecuador.

Contribuciones de los autores

- Oscar Jhonathan Guaman Ilvay: investigación, metodología, recursos.
- Luis Favian Cartuche-Macas: conceptualización, investigación, software, redacción – borrador original.
- Edilberto Chacón Marcheco: validación, redacción – revisión y edición.
- Rafael Alfonso Garzón Jarrín: validación, redacción – revisión y edición.
- Clímaco Campuzano Carriel: validación, redacción – revisión y edición.
- Manuel García Herreros: validación, redacción – revisión y edición.

Implicaciones éticas

Los autores declaran que no existen implicaciones éticas.

Conflicto de interés

Los autores declaran que no existen conflictos de interés financieros o no financieros que podrían haber influido en el trabajo presentado en este artículo.

Referencias

- Ablondi, M., Summer, A., Stocco, G., Finocchiaro, R., van Kaam, J.-T., Cassandro, M., Dadousis, C., Sabbioni, A., y Cipolat-Gotet, C. (2023). The role of inbreeding depression on productive performance in the Italian Holstein breed. *Journal of Animal Science*, *101*, skad382. <https://doi.org/10.1093/jas/skad382>
- Barbat, A., Mézec, P. Le, Ducrocq, V., Mattalia, S., Fritz, S., Boichard, D., Ponsart, C., y Humblot, P. (2010). Female fertility in French dairy breeds: current situation and strategies for improvement. *Journal of Reproduction and Development*, *56*(S), S15-S21. <https://doi.org/10.1262/jrd.1056S15>
- Boichard, D., Guillaume, F., Baur, A., Croiseau, P., Rossignol, M. N., Boscher, M. Y., Druet, T., Genestout, L., Colleau, J. J., Journaux, L., Ducrocq, V., y Fritz, S. (2012). Genomic selection in French dairy cattle. *Animal Production Science*, *52*(3), 115. <https://doi.org/10.1071/AN11119>
- Boichard, D., Maignel, L., y Verrier, É. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution*, *29*(1), 5. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-29-1-5>
- Bonilla Jurado, A. G. (2020). Evaluación de las transferencias realizadas por el gobierno central al sector lechero ecuatoriano durante el período 2012-2017. En *Nuevos aportes a la economía. Especialidad: Economía Social de Mercado* (pp. 9-122). Editorial PUCE. https://latinamerica.hss.de/fileadmin/user_upload/Projects_HSS/Latin_America/Ecuador/Dokumente/2020/Libro_PUCE_2020.pdf
- Caballero, A., y Toro, M. A. (2000). Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetical Research*, *75*(3), 331-343. <https://doi.org/10.1017/S0016672399004449>
- Cartuche Macas, L. F., Camacho Vallejo, M. E., González Ariza, A., León Jurado, J. M., Delgado Bermejo, J. V., Marín Navas, C., y Navas González, F. J. (2024a). Analysis of endangered Andalusian Black cattle (Negra Andaluza) reveals genetic reservoir for bovine black trunk. *Animals (Basel)*, *14*(7), 1131. <https://doi.org/10.3390/ani14071131>
- Cartuche, L., Vargas, N., y Pascual, M. (2014). Análisis preliminar del pedigrí de las razas bovinas lecheras Jersey y Brown Swiss en el Ecuador. En *IX Congreso de Ciencia y Tecnología ESPE 2014*. Quito. <https://journal.espe.edu.ec/ojs/index.php/cienciaytecnologia/article/view/79/77>
- Cartuche-Macas, L. F., Lozada, E. F., Gutiérrez-Reinoso, M. A., Chacón, E., Navas, F. J., y García-Herreros, M. (2024b). Evolution of population structure, reproductive performance, inbreeding, and genetic diversity in Ecuadorian Charolais Cattle. *Veterinary Sciences*, *11*(11), 566. <https://doi.org/10.3390/vetsci11110566>
- Casanovas Arias, D., León Jurado, J. M., Bermejo Asensio, L. A., Navas González, F. J., Marín Navas, C., y Barba Capote, C. J. (2020). Genetic diversity evolution of a sheep breed reintroduced after extinction: Tracing back Christopher Columbus' first imported sheep. *Research in Veterinary Science*, *132*, 207-216. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2020.06.007>
- Cervantes, I., Goyache, F., Molina, A., Valera, M., y Gutiérrez, J. P. (2011). Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, *128*(1), 56-63. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2010.00881.x>
- Danchin-Burge, C., Leroy, G., Brochard, M., Moureaux, S., y Verrier, E. (2012). Evolution of the genetic variability of eight French dairy cattle breeds assessed by pedigree analysis. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, *129*(3), 206-217. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2011.00967.x>
- ESPAE Graduate School of Management. (2016). *Estudios industriales orientación estratégica para la toma de decisiones: Industria de Ganadería de Carne*. ESPOL. <https://www.espae.edu.ec/publicaciones/estudios-industriales-orientacion-estrategica-para-la-toma-de-decisiones-industria-de-ganaderia-de-carne/>
- Falconer, D. S., y Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to quantitative genetics* (4th ed.). Longman.
- García-Ruiz, A., Cole, J. B., VanRaden, P. M., Wiggans, G. R., Ruiz-López, F. J., y Van Tassell, C. P. (2016). Correction for Garcia-Ruiz et al., Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, *113*(33), E4928. <https://doi.org/10.1073/pnas.1611570113>
- Gicquel, E., Boettcher, P., Besbes, B., Furre, S., Fernández, J., Danchin-Burge, C., Berger, B., Baumung, R., Feijóo, J. R. J., y Leroy, G. (2020). Impact of conservation measures on demography and genetic variability of livestock breeds. *Animal*, *14*(4), 670-680. <https://doi.org/10.1017/S1751731119002672>
- González, A. R. M., Navas González, F. J., Crudeli, G. Á., Delgado Bermejo, J. V., Camacho Vallejo, M. E., y Quirino, C. R. (2022). Process of introduction of Australian Braford cattle to South America: configura-

- tion of population structure and genetic diversity evolution. *Animals*, 12(3), 275. <https://doi.org/10.3390/ani12030275>
- Groeneveld, E., Westhuizen, B. V. D., Maiwashe, A., Voordewind, F., y Ferraz, J. B. S. (2009). POPREP: a generic report for population management. *Genetics and Molecular Research*, 8(3), 1158-1178. <https://doi.org/10.4238/vol8-3gmr648>
- Gutiérrez, J. P., Cervantes, I., y Goyache, F. (2009). Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 126(4), 327–332. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2009.00810.x>
- Gutiérrez, J. P., Marmi, J., Goyache, F., y Jordana, J. (2005). Pedigree information reveals moderate to high levels of inbreeding and a weak population structure in the endangered Catalanian donkey breed. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122(6), 378-386. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2005.00546.x>
- Gutiérrez, J. P., y Goyache, F. (2005). A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122(3), 172-176. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x>
- Hagger, C. (2005). Estimates of genetic diversity in the brown cattle population of Switzerland obtained from pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122(6), 405–413. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2005.00552.x>
- Honda, T., Nomura, T., Yamaguchi, Y., y Mukai, F. (2004). Monitoring of genetic diversity in the Japanese Black cattle population by the use of pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 121(4), 242-252. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2004.00452.x>
- Institut de l'Élevage [IDELE]. (2021). *Bilan de variabilité génétique à partir des données de généalogies Races bovines laitières*. IDELE. <https://idele.fr/detail-article/indicateurs-de-variabilite-genetique-races-bovines-edition-2021>
- Institut de l'Élevage [IDELE]. (2023). *Bilan de variabilité génétique à partir des données de généalogies Races bovines laitières*. IDELE. <https://idele.fr/detail-article/rapport-varume-2023-des-races-bovines-laitieres>
- James, J. W. (1977). A note on selection differential and generation length when generations overlap. *Animal Science*, 24(1), 109-112. <https://doi.org/10.1017/S0003356100039271>
- Lacy, R. C. (1989). Analysis of founder representation in pedigrees: Founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biology*, 8(2), 111-123. <https://doi.org/10.1002/zoo.1430080203>
- Lindgren, D., Gea, L., y Jefferson, P. (1996). Loss of genetic diversity monitored by status number. *Silvae Genetica*, 45(1), 52-60.
- Lozada, E., Chacón, E., Sambache, E., Revelo, M., Gutiérrez, M., Delgado, J. V., Cartuche, L. F., y Navas, F. J. (2023). Diversidad genética y estructura de la población de la raza Charolais en Ecuador a través del pedigrí. *Archivos de Zootecnia*, 72(277), 32-42. <https://doi.org/10.21071/az.v72i277.5699>
- Lozada-Soto, E. A., Maltecca, C., Lu, D., Miller, S., Cole, J. B., y Tiezzi, F. (2021). Trends in genetic diversity and the effect of inbreeding in American Angus cattle under genomic selection. *Genetics Selection Evolution*, 53(1), 50. <https://doi.org/10.1186/s12711-021-00644-z>
- Luštrek, B., Vandenplas, J., Gorjanc, G., y Potočnik, K. (2021). Genomic evaluation of Brown Swiss dairy cattle with limited national genotype data and integrated external information. *Journal of Dairy Science*, 104(5), 5738-5754. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19493>
- MacCluer, J. W., Boyce, A. J., Dyke, B., Weitkamp, L. R., Pfenning, D. W., y Parsons, C. J. (1983). Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *Journal of Heredity*, 74(6), 394-399. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a109824>
- Macor, L. (2013). *Evaluación de la variabilidad genética mediante el número efectivo en Braford Argentino* Universitat Politècnica de València. <https://riunet.upv.es/handle/10251/37144>
- Magalhães Araújo da Silva, M. H., Malhado, C. H. M., Costa, J. L., Cobuci, J. A., Costa, C. N., y Carneiro, P. L. S. (2016). Population genetic structure in the Holstein breed in Brazil. *Tropical Animal Health and Production*, 48(2), 331-336. <https://doi.org/10.1007/s11250-015-0956-7>
- Meuwissen, T., y Luo, Z. (1992). Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution*, 24(4), 305. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-24-4-305>
- Mihai, R., Mărginean, G. E., Marin, M. P., Hassan, A. A. M., Marin, I., Fintineru, G., y Vidu, L. (2020). Impact of precision livestock farming on welfare and milk production in Montbeliarde dairy cows. *Scientific Papers. Series D. Animal Science*, 63(2), 308-313. <https://animalsciencejournal.usamv.ro/index.php/sci>

entific-papers/past-issues?id=811

- Ministerio de Agricultura, Ganadería, Acuacultura y Pesca [MAGAP]. (2016). *La política agropecuaria ecuatoriana: hacia el desarrollo territorial rural sostenible: 2015-2025*. I Parte. MAGAP. <https://www.fao.org/faolex/results/details/es/c/LEX-FAOC183434/>
- Navas, F. J., Jordana, J., León, J. M., Barba, C., y Delgado, J. V. (2017). A model to infer the demographic structure evolution of endangered donkey populations. *Animal*, *11*(12), 2129-2138. <https://doi.org/10.1017/S1751731117000969>
- Núñez-Domínguez, R., Martínez-Rocha, R. E., Hidalgo-Moreno, J. A., Ramírez-Valverde, R., y García-Muñiz, J. G. (2020). Evaluation of the Romosinuano cattle population structure in Mexico using pedigree analysis. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, *33*(1), 44-59. <https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v32n4a05>
- Oldenbroek, J. K. (ed.). (2017). *Genomic management of animal genetic diversity*. Wageningen Academic. <https://doi.org/10.3920/978-90-8686-850-6>
- Pais Chanfrau, J. M., Núñez Pérez, J., Lara Fiallos, M. v., Rivera Intriago, L. M., Trujillo Toledo, L. E., y Cuaran Guerrero, M. J. (2017). Valorización del suero de leche: Una visión desde la biotecnología. *Bio-natura*, *2*(4), 468-476. <https://doi.org/10.21931/RB/2017.02.04.11>
- Peixoto, M. G. C. D., Carvalho, M. R. S., Egito, A. A., Steinberg, R. S., Bruneli, F. Â. T., Machado, M. A., Santos, F. C., Rosse, I. C., y Fonseca, P. A. S. (2021). Genetic Diversity and Population Genetic Structure of a Guzerá (*Bos indicus*) Meta-Population. *Animals*, *11*(4), 1125. <https://doi.org/10.3390/ani11041125>
- Ríos Utrera, Á., Vega Murillo, V. E., Montaña Bermúdez, M., Martínez Velázquez, G., y Román Ponce, S. I. (2018). Genetic diversity assessment of the Mexican Simmental population through pedigree analysis. *Revista Brasileira de Zootecnia*, *47*, e20160088. <https://doi.org/10.1590/rbz4720160088>
- Rodríguez-Ramilo, S. T., Fernández, J., Toro, M. A., Hernández, D., y Villanueva, B. (2015). Genome-Wide Estimates of Coancestry, Inbreeding and Effective Population Size in the Spanish Holstein Population. *PLOS ONE*, *10*(4), e0124157. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0124157>
- Ron Garrido, L., Birchmeier, A. N., Munilla, S., y Cantet, R. J. C. (2008). Estimation of effective population size using bivariate discrete distributions for modeling family size in beef cattle. *Livestock Science*, *117*(1), 43-51. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2007.11.008>
- Rosendo Ponce, A., Palacios Jiménez, A. L., Rosales Martínez, F., Torres Hernández, G., Ramírez Valverde, R., y Becerril Pérez, C. M. (2018). Genetic variability of Tropical Milking Criollo cattle of Mexico estimated from genealogy information. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, *31*(3), 196-203. <https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v31n3a04>
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., y Colleau, J. J. (2006). CFC: A tool for monitoring genetic diversity. En *Proceedings of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. Belo Horizonte. <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/full/10.5555/20063170110>
- Scott, B. A., Haile-Mariam, M., Cocks, B. G., y Pryce, J. E. (2021). How genomic selection has increased rates of genetic gain and inbreeding in the Australian national herd, genomic information nucleus, and bulls. *Journal of Dairy Science*, *104*(11), 11832-11849. <https://doi.org/10.3168/jds.2021-20326>
- Sieklicki, M. de F., Mulim, H. A., Pinto, L. F. B., Valloto, A. A., y Pedrosa, V. B. (2020). Population structure and inbreeding of Holstein cattle in southern Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, *49*. e20190052. <https://doi.org/10.37496/rbz4920190052>
- Superintendencia de Control del Poder de Mercado. (2015). *Informe del sector lácteo en Ecuador*. INFORME SCPM-IGT-INAC-002-2019. <https://www.fao.org/faolex/results/details/es/c/LEX-FAOC183434/>
- Tenhunen, S., Thomasen, J. R., Sørensen, L. P., Berg, P., y Kargo, M. (2024). Genomic analysis of inbreeding and coancestry in Nordic Jersey and Holstein dairy cattle populations. *Journal of Dairy Science*, *107*(8), 5897-5912. <https://doi.org/10.3168/jds.2023-24553>
- Uemoto, Y., Suzuki, K., Yasuda, J., Roh, S., y Satoh, M. (2021). Evaluation of inbreeding and genetic diversity in Japanese Shorthorn cattle by pedigree analysis. *Animal Science Journal*, *92*(1). <https://doi.org/10.1111/asj.13643>
- Vásquez-Loaiza, M., Cruz-Méndez, A., Castro-Vásquez, R., Cascante-Segura, S., Camacho-Sandoval, J., y Domínguez-Viveros, J. (2021). Pedigree analysis and population structure of brahman cattle from Costa Rica. *Chilean Journal of Agricultural & Animal Sciences*, *37*(2), 177-183. <https://doi.org/10.29393/CH-JAAS37-20PAMJ60020>
- Vassallo, J. M., Diaz, C., y Garcia-Medina, J. R. (1986). A note on the population structure of the Avileña

breed of cattle in Spain. *Livestock Production Science*, 15(3), 285-288. [https://doi.org/10.1016/0301-6226\(86\)90035-7](https://doi.org/10.1016/0301-6226(86)90035-7)

Wang, Y. (2015). *Genetic and geographic diversity of Gyr (Bos Indicus) cattle in Brazil*. Universität für Bodenkultur Wien. <https://permalink.obvsg.at/bok/AC12619943>

Wright, S. (1922). Coefficients of Inbreeding and Relationship. *The American Naturalist*, 56(645), 330-338. <https://doi.org/10.1086/279872>