

Diversidad genética de la población de toros Holstein Friesian importados al Ecuador

Genetic diversity of the population of Holstein Friesian bulls imported to the Ecuador



Edilberto Chacón Marcheco ^{1 *}
Luis Favian Cartuche Macas ^{2, 3}
Andrea Nicole Villavicencio Estrella ⁴
Blanca Mercedes Toro Molina ¹
Lucía Monserrath Silva Déley ¹
Patricia Marcela Andrade Aulestia ¹

✉ <https://orcid.org/0000-0001-9590-6451>
✉ <https://orcid.org/0000-0003-3278-1238>
✉ <https://orcid.org/0000-0003-3647-0138>
✉ <https://orcid.org/0000-0003-3772-5200>
✉ <https://orcid.org/0000-0002-6660-8102>
✉ <https://orcid.org/0000-0002-5236-432X>

¹ Carrera de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales (CAREN), Universidad Técnica de Cotopaxi | Latacunga – Ecuador | CP 050101
² Universidad Amawtay Wasi | Quito – Ecuador | CP 170518
³ Departamento de Genética Universidad de Córdoba | Córdoba – España | CP 14071
⁴ Médica Veterinaria, Latacunga | Cotopaxi – Ecuador | CP 050101

✉ edilberto.chacon@utc.edu.ec

<https://doi.org/10.26423/rctu.v10i1.717>

Páginas: 33- 40

Resumen

La diversidad genética garantiza la evolución y adaptación de las poblaciones animales. El objetivo de la investigación fue evaluar la diversidad genética de la población de toros Holstein Friesian importados al Ecuador entre los años 2000-2021, a través de su información genealógica. Fueron evaluados 273 toros, el estudio del flujo y relaciones genéticas incluyó el nombre; código internacional; país y fecha de nacimiento, complementado con la consanguinidad por pedigrí y genómica. Fue calculado el índice de mérito neto según el percentil del toro. Se realizó un análisis estadístico descriptivo; y un análisis genético mediante el coeficiente de consanguinidad y el parentesco. Evidenciándose que la raza Holstein Friesian de Estados Unidos y Canadá representa el 89 % del flujo genético al Ecuador, fundamentalmente toros probados inactivos y de edad avanzada. Los que se encuentran por debajo del percentil 50, con bajo índice de mérito y afectados por el grado de parentesco.

Palabras clave: Pedigrí, consanguinidad, estatus, mérito genético, genómica.

Abstract

Genetic diversity ensures the evolution and adaptation of animal populations. The research aimed to evaluate the genetic diversity of the Holstein Friesian bull population imported to Ecuador between 2000-2021 through their genealogy information. Two hundred seventy-three bulls were assessed, and the study of flow and genetic relations included name, international code, country, and date of birth, complemented with pedigree and genome consanguinity. The net merit index was calculated according to the bull's percentile. A descriptive statistical analysis and a genetic analysis employing the consanguinity coefficient and parenthood were carried out. Evidence that the Holstein Friesian breed from the United States and Canada represents 89% of the genetic flow to Ecuador, fundamentally tested tours inactive and of old age. Those below the 50 percentile have a low merit index and are affected by the degree of kinship.

Keywords: Pedigree; consanguinity; status; genetic merit; genomics.

Recepción: 02/12/2022 | Aprobación: 04/05/2023 | Publicación: 28/06/2023

1. Introducción

La raza Holstein Friesian ubicada entre las de mayor productividad lechera a nivel mundial, por esta razón está presente en las fincas de pequeños, medianos y grandes productores de la mayoría de los países. A lo largo de la historia se ha exportado la mejora genética de la raza Holstein a otros países con poco desarrollo genético como los latinoamericanos, entre los cuales se encuentra el Ecuador. Dado el progreso de las biotecnologías reproductivas como la inseminación artificial (IA), inseminación artificial a tiempo fijo (IATF), transferencia de embriones, clonación, entre otras han hecho que el ganado Holstein se expanda de manera más rápida en estos países.

La mejora genética de la raza ha conllevado a que las poblaciones sean seleccionadas para varios objetivos y caracteres, como, por ejemplo, volumen, grasa, proteína, longevidad y fertilidad. Lo que evidencia como cada programa de mejora genética pondera la importancia de los caracteres dentro de los índices de acuerdo a sus sistemas de producción y mercados de sus productos [1]. Los estudios de diversidad genética permiten conocer las relaciones genéticas entre diferentes subpoblaciones o entre individuos de una población [2, 3] y esto puede ser realizado a través de información genealógica o molecular.

Los países que cuentan con programas sólidos de mejora genética y valoraciones genómicas bajo sistemas nacionales e internacionales han desarrollado la metodología para la valoración genética internacional (incluida la genómica) que consiste en una medida del mérito genético de los caracteres entre países, denominada “Multiple Across Country Evaluation” (MACE), por sus siglas en inglés [4], disponible para 6 razas (incluye Holstein Friesian) y 7 grupos de caracteres como producción de leche, salud de ubre, conformación, longevidad, partos, fertilidad de la hembra, etc.

Con la inclusión de la selección genómica en programas nacionales e internacionales se ha observado que la variabilidad genética de esta raza se está reduciendo de forma considerable. Debido al uso de un pequeño número de reproductores con altos valores genéticos o por la preferencia de determinados toros por su fama en los concursos nacionales e internacionales. Por ejemplo, el uso de pocos toros implica que la consanguinidad se incrementa con los efectos negativos como la depresión endogámica y los alelos deletéreos. Tal como ha sido referido por otros autores [5, 6].

Por esta razón, el presente estudio tiene como objetivo evaluar la diversidad genética de la población de toros Holstein Friesian importados al Ecuador entre los años 2000-2021 a través de su información genealógica, favoreciendo el mejoramiento y respuesta productiva de la raza.

2. Materiales y métodos

A partir de los catálogos digitales y físicos de las empresas comercializadoras de semen bovino en el Ecuador se determinó un total de 273 toros disponibles en el mercado, procedentes de Estados Unidos, Canadá, Francia, Alemania, Italia y Holanda. A partir del nombre y código internacional de los toros se realizaron consultas en las bases de datos de los países de origen de los ancestros, de por lo menos 4 generaciones.

La base de datos se diseñó en el programa Microsoft Excel 2019, en la cual se incluyó la información correspondiente a nombre, código internacional, país y fecha de nacimiento de los toros importados, así como de sus ancestros paternos y maternos. Esta información se obtuvo a partir de los catálogos de las empresas importadoras de genética bovina en Ecuador, además de la información de los ancestros reportada en las páginas web de las empresas genéticas internacionales (Select Sires; ABS; CRI; entre otras).

El flujo de genes, índice de mérito neto y la edad de los toros importados se evaluó a partir de la información de registro genealógico del país de origen del toro importado y de sus ancestros. El estatus de los toros importados se determinó mediante la consulta en la National Association of Animal Breeders de los EUA y la Canadian Network for Dairy Excellence, en Canadá. En el caso del índice de mérito neto se utilizó como criterio el valor del percentil. Los intervalos generacionales (IG) se enmarcaron entre los años 2000 al 2021, divididos en cuatro intervalos que inician en el año 2000 al 2005, 2005 al 2010, 2010 al 2015 y finalizan entre el 2015 al 2021.

El análisis genético de los toros importados se realizó a través de la estimación del coeficiente de consanguinidad (F) mediante la metodología descrita por [7]. Posteriormente, se estimó el parentesco medio (ΔR) entre los toros importados y se construyó una matriz de parentesco a través de la metodología de [8]. La estimación de F y (ΔR) se realizó con el programa ENDOG v4.8. Para complementar el análisis también se incluyó la consanguinidad por pedigrí y genómica del país de origen de cada uno de los toros importados.

Se realizó un análisis estadístico descriptivo en el programa INFOSTAT versión estudiantil [9], asociado al flujo de genes, edad, índice para mérito neto, la consanguinidad y relaciones genéticas de los toros, a través del país de origen, fecha de nacimiento y percentil para mérito neto de los toros importados.

3. Resultados y discusión

Flujo de genes

En el mercado ecuatoriano están disponibles 273 toros distribuidos por su origen en 73,84% de Estados

Unidos, 15,16% de Canadá, 7% de Holanda, 2% de Francia, 1% de Italia y 1% de Alemania. El flujo de genes describe el movimiento e intercambio de animales mejorados entre países a través de la importación y exportación de animales vivos, semen y embriones, existiendo dos tipos de flujo entre países de norte-sur y norte-norte tanto en el continente americano y europeo [10], como ocurre entre los Estados Unidos y los países latinoamericanos. Aspectos relacionando a lo descrito por varios autores sobre la relación de la genética Holstein Friesian de Estados Unidos y Canadá [11], evidenciada en este estudio donde el 89% de los genes fluyen desde estos dos países al Ecuador.

Al analizar la base de datos con los ancestros paternos y maternos (2253 animales) se determinó una influencia de un 84,11% de Estados Unidos-Canadá y de 98,09% al incluir a Francia, Alemania y Holanda. Lo antes descrito podría deberse a que Estados Unidos-Canadá son los que dominan a nivel global las exportaciones de animales para cría y material genético (semen y embriones). Por ejemplo, que en el caso de semen bovino los países del norte (OECD) representaron el 99% de las exportaciones, con destino principalmente a Latinoamérica y el Caribe. Particularmente, Estados Unidos excedió los valores de las exportaciones en 131 millones de dólares en el 2012, comparado a 58 millones de dólares del año 2006, esto es equivalente a un incremento del 21% por año en este período [10].

Edad de los toros importados

La edad promedio del total de toros importados al Ecuador fue de 8.50 años (Tabla 1), asumiendo que los toros están presentes en el país desde el año 2019 y que sus crías empezarán a nacer en 2020 se podría presumir que el intervalo generacional se encontraría entre los 6-8 años, como ha sucedido en otros países.

Makanjuola *et al.* (2020), al estudiar el efecto de la selección genómica sobre la tasa de consanguinidad, coancestría y el tamaño efectivo de la población de las poblaciones Holstein y Jersey, determinaron que el intervalo de generación para todo el período de tiempo de 29 años promedió aproximadamente 5 años para todas las vías de selección combinadas [12].

Los valores encontrados en este estudio indicarían que en el mercado ecuatoriano hay una alta demanda de pajuelas de toros probados con alta confiabilidad que implica el uso de toros de avanzada edad, esto también ha sido demostrado en la población Holstein Friesian de Brasil [13].

El IG se considera como el tiempo necesario para reemplazar una generación con la próxima y está relacionado directamente con la edad de los toros cuando comienza a nacer su descendencia. Se ha demostrado que una reducción del IG permite incrementar el progreso genético dentro de las poblaciones. Así mismo, el desarrollo de la selección genómica ha hecho que los intervalos generacionales de las distintas poblaciones se hayan reducido considerablemente, por ejemplo, en la población Holstein Friesian de Estados Unidos el IG (cuatro vías) entre 2006-2010 estuvo entre 3.7-6.3 años, mientras en el periodo 2011-2015 pasó a 2.6-3.5 años [14].

Adicionalmente, se analizó la frecuencia de las edades de los toros en periodos de dos años (Figura 1), en la que se determinó que un 12.19% de los toros se encuentran entre 2.33-4.33 años, 44.44% en una edad entre 4.33-8.53 años y 43.97% con edades superiores 8.53 años.

Tabla 1: Análisis de la edad (años) de los toros importados por país de origen.

País	N	Media	Mediana	Desviación Estándar	Mínimo	Máximo
Estados Unidos	202	8,71	8,29	3,85	2,23	25,03
Canadá	41	8,01	7,35	4,04	3,38	22,57
Francia	19	8,72	7,21	3,61	4,84	15,76
Alemania	2	4,47	4,47	1,85	3,16	5,77
Italia	2	7,46	7,46	1,8	6,18	8,73
Holanda	7	6,48	4,2	5	3,42	17,41
Total	277	8,5	7,79	3,99	2,23	25,03

También se podría considerar que dada la avanzada edad de los toros y la poca demanda de estos toros en los países de origen, estos llegaron al Ecuador a un costo relativamente bajo en comparación con toros genómicos que tienen edades menores y un costo mayor. Es decir, posiblemente los ganaderos no consideran este factor dentro de la selección de toros para los acoplamientos de las hembras.

Estatus de los toros importados

El estatus de los toros por año de nacimiento según la Asociación nacional de criadores (NAAB, por sus siglas en inglés) se muestra en la Figura 2. En el caso de Ecuador se encontró que el 59% de toros son inactivos seguido de un 16% de toros activos, 9% de toros genómicos y un 6% de toros en prueba de progenie.

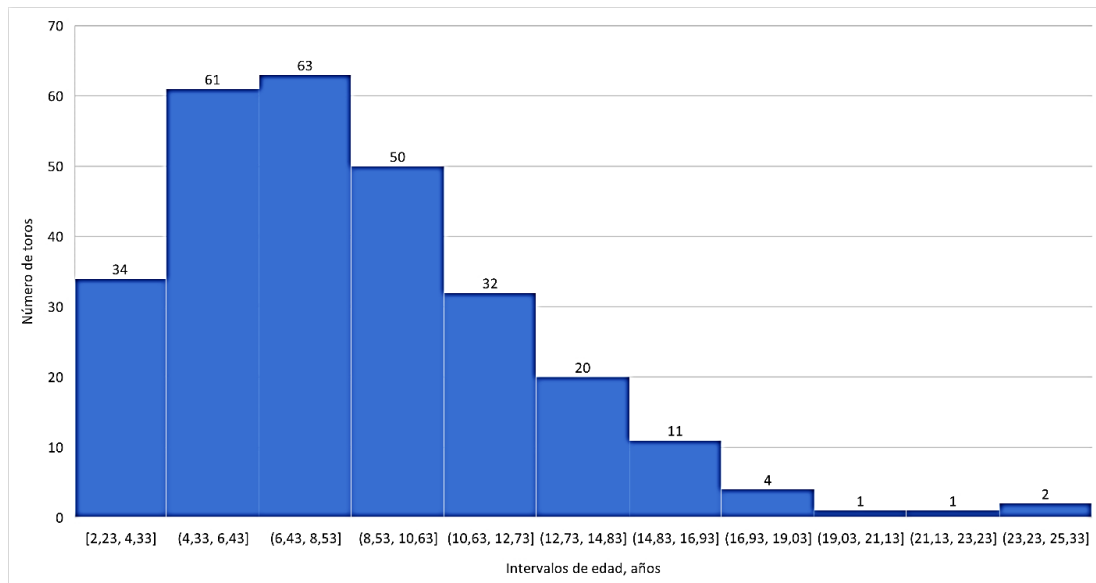


Figura 1: Distribución de las edades de los toros importados al Ecuador.

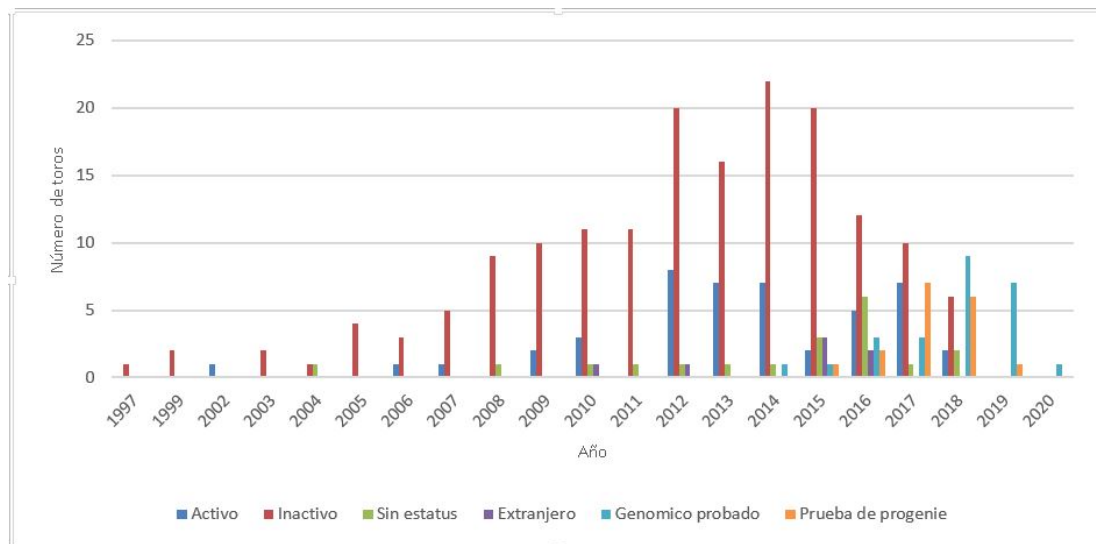


Figura 2: Distribución de estatus de toros importados por año de nacimiento según la NAAB.

Estos resultados indican que en el mercado ecuatoriano se ofertan mayormente toros probados y en prueba que posiblemente afecten al intervalo generacional y al progreso genético en comparación al uso de toros genómicos. En otros países no se ha observado esta tendencia ya que se ha demostrado que la selección genómica acelera las ganancias genéticas dentro de las poblaciones.

El uso generalizado de toros en los programas de selección genómica se ha evidenciado en otros estudios, lo que ha conducido a una reducción de la diversidad genética dentro de las poblaciones de alto rendimiento productivo, siendo necesario establecer óptimos esquemas de selección basados en valores genómicos, manteniendo de bajos a moderados los niveles de consanguinidad especialmente en la selección de reproductores [14].

Dentro del análisis de estatus de toros importados en el Ecuador, se observa que existe un alto índice porcentual (20 % - 13 %) entre los años 2012 – 2016 del uso de sementales que se encuentran inactivos, mientras que en los últimos años (desde el 2016 al 2019), los toros con genómica probada han sido utilizados con la finalidad de interferir en el nivel de consanguinidad. Los toros inactivos tienen la misma tendencia que los toros activos con la diferencia de la línea de tiempo, en la actualidad ya se utilizan toros activos y toros con prueba de progenie que ayudan a controlar el nivel de la consanguinidad dentro de la población Holstein.

En el Ecuador no existen toros probados, los datos obtenidos de los sementales analizados son bajo las condiciones ambientales en las que se encuentra su hábitat, debido a la interacción genotipo-ambiente para

obtener los mismos resultados que nos presentan en EEUU, Francia entre otros.

Índices genéticos

La distribución de toros por estatus y cuartiles (Tabla 2), evidencia que 209 toros (76.56 %) están por debajo del 50 % del ranking. Además, dentro de este grupo hay 141 toros con estatus inactivos, siendo el grupo más frecuente. Por otro lado, dentro del estatus de toros genómicos probados el 44 % se encuentra sobre el tercer cuartil.

Tabla 2: Análisis descriptivo por cuartiles del índice de Mérito Neto de toros importados.

Estatus	Percentil			
	0-25	25-50	50-75	75-100
Activo	15	15	7	9
Inactivo	108	35	13	8
Sin status	8	4	2	0
Extranjero	3	2	2	0
Genómico probado	1	8	5	11
Prueba de progenie	6	4	5	2
Total	141	68	34	30

En cuanto al estatus de toros inactivos se obtuvo que 108 animales se encuentran entre el percentil 0-25, en el cual los toros inactivos tienen mayor influencia en el ranking de acuerdo a la valoración de cada toro en base a las características deseables, dentro del percentil 75-100 que es el mejor rango de estatus se encuentran presentes 8 animales inactivos. En relación a los toros genómicos probados, en el rango de 75-100 de percentil se ubican 11 animales que cumplen con los requerimientos actualmente de costo-beneficio de producción.

Actualmente en Países Bajos, el 72 % de IA en Holstein se realiza con semen de toros genómicos, con la finalidad de tener una selección más rápida y una reproducción más confiable [15]. La mayor ventaja del uso de valores genéticos es reducir de manera efectiva rasgos con un grado mínimo de heredabilidad, como la longevidad, la fertilidad y la salud, lo que conlleva a una efectiva producción de pie de cría con los valores genéticos deseados a un costo productivo moderado y sustentado en la confiabilidad de las futuras producciones con hijas de calidad [10].

Consanguinidad y relaciones genéticas

La Tabla 3 muestra la media de consanguinidad por pedigrí (8.33 %) y por genómica (9.48 %). Para autores como Kristensen *et al.* (2010), la estimación de los coeficientes de consanguinidad es un importante indicador del uso óptimo de los recursos genéticos, su cálculo a partir de la información de pedigrí ha resultado ser una herramienta a considerar en el proceso de selección y ha permitido evaluar su efecto en la expresión fenotípica en diversas poblaciones [16].

Tabla 3: Análisis descriptivo de la consanguinidad por pedigrí y genómica de los toros importados.

Estadístico	Consanguinidad pedigrí	Consanguinidad genómica
N	278	262
Media	8,33	9,48
Mediana	7,75	9,3
Desviación estándar	3,05	4,14
Mínimo	1,6	0,6
Máximo	22,4	20,6

En el proceso de selección genética es importante determinar que animales se encuentran genéticamente emparentados debido a que puede verse afectada la variación genética dentro de una población por el cruzamiento entre estos, por lo que es importante tener en cuenta los niveles de consanguinidad [17]. Valores bajos en los coeficientes de consanguinidad indican el poco emparentamiento entre los animales de la población; favoreciendo la selección de aquellos reproductores con menor parecido genético [18].

Las relaciones genéticas entre los toros importados se obtuvieron a partir de la matriz de coancestrías compuesta por 39060 comparaciones. El parentesco medio total de los 279 toros resultó en 38781 comparaciones. Como resultados se obtuvo que el 87.92 % de los toros tuvieron algún grado parentesco.

Se ha demostrado que niveles sobre el 5 % de consanguinidad están asociados a depresión endogámica [19], que para el caso de los toros importados al Ecuador se encontró un 8,33 % y 9.48 % de media de consanguinidad de pedigrí y genómica, respectivamente. Siendo estos valores superiores a lo deseado como rango normal, por lo que probablemente está llevando que la progenie de estos toros potencialmente incremente la frecuencia de alelos deletéreos y la depresión endogámica si no se realiza acoplamiento dirigidos considerando este criterio.

El monitoreo de la estructura poblacional, la consanguinidad, el tamaño efectivo de población y la probabilidad de origen de los genes, permite prevenir pérdidas de diversidad genética en las poblaciones bovinas. Los métodos de selección comúnmente usados, como los basados en las predicciones de los valores genéticos obtenidos mediante el modelo animal, pueden incrementar los niveles de consanguinidad y disminuir la variabilidad genética de las poblaciones [19].

Particularmente, en bovinos lecheros la globalización, los avances tecnológicos y la innovación de herramientas genéticas han intensificado el proceso de selección, ocasionando un incremento en el apareamiento de animales emparentados, con la consiguiente disminución en la diversidad del material

genético, asociada a un incremento en las tasas de consanguinidad y a una disminución del rendimiento animal [20].

En México el incremento de la consanguinidad de los sementales usados fue muy notable en la década del 2010, lo cual pudo deberse al uso de sementales seleccionados a través de selección genómica, ya que la introducción de esta herramienta disminuye la presencia de genes recesivos deletéreos, aunque al mismo tiempo afectada la diversidad de haplotipos en el genoma de poblaciones de ganado lechero [12].

La diversidad genética se considera clave en la conservación de los recursos genéticos locales y mejorados, constituyendo la base de procesos de selección y mejoramiento genético. Particularmente el acervo genético de la raza Holstein se ha visto afectado por efecto de la selección artificial, hecho que conlleva a la pérdida de rasgos adaptativos propios de esta raza, la diversidad es relevante para el mejoramiento genético sustentable y para fomentar estrategias de conservación genética, con el objeto de mantener la máxima heterocigosidad con el mínimo incremento posible de consanguinidad por generación [21].

4. Conclusiones

Los toros Holstein Friesian importados al Ecuador provienen mayoritariamente de Estados Unidos y Canadá y en menor proporción de Francia, Alemania y Holanda. La demanda de estos toros está relacionada con toros probados inactivos y de edad avanzada; además en los últimos años se ha producido un ligero incremento del uso de toros genómicos. En relación al mérito neto, la mayor parte de los toros se encuentran por debajo del percentil 50, en donde los toros de bajo índice de mérito neto son los que se están utilizando en el Ecuador.

Esto indica que debe iniciarse procesos de valoración genética local que incluya la interacción genotipo-ambiente para el correcto desarrollo de las crías de toros importados al Ecuador. De igual manera dado el gran número de toros importados y su grado de parentesco es necesario iniciar con la implementación de un plan nacional de mejoramiento genético de la raza, basado en la evaluación de hijas por medio de una prueba de progenie, dado que las condiciones ambientales y manejo son totalmente diferentes en comparación con los países de origen.

Conflicto de intereses

Para el presente artículo no existe ningún tipo de conflicto de interés. Esto se debe a que los resultados de este estudio son completamente de autoría de la Universidad Internacional del Ecuador y los estudiantes con su docente, y esto no tiene ninguna relación con alguna otra institución.

Fuentes de financiamiento

El desarrollo y escrito de este artículo no tiene ninguna fuente de financiamiento ya sea interna o externa. Debido a que todos los programas utilizados son de versión estudiantil no existe ningún costo por el Software. Por el lado del diseño e implementación fue realizado enteramente por los autores.

5. Referencias

- MÉNDEZ, Silvana; SORIA, Manuel; PALACIOS, Estuardo; ANDRADE, Omar; BUSTAMANTE, Jorge; PESANTEZ, José y VALLECILLO, Antonio (2020). Genetic variability parameters of certified Holstein cattle in Cuenca district, Ecuador. *Chilean Journal of Agricultural y Animal Sciences*. [en línea]. 36(1), 63-68. ISSN0719-3890 [Consulta: 11 octubre 2022]. Disponible en: <http://revistas.udec.cl/index.php/chjaas/article/view/1956/2465>.
- EUSEBI, Paulina; CORTÉS, Oscar; DUNNER, Susana y CAÑÓN, Javier (2020). Análisis genómico de diversidad y estructura genómica de las poblaciones bovinas de la raza mexicana de Lidia. *Revista mexicana de ciencias pecuarias*. 11(4), 1059-1070. ISSN 2007-1124. [Consulta: 24 agosto 2022]. Disponible en: https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S2007-11242020000401059&script=sci_abstract.
- OCAMPO-GALLEGO, Ricardo; MARTÍNEZ-ROCHA, Juan y MARTÍNEZ-SARMIENTO, Rodrigo (2020). Diversidad genética y estructura poblacional en bovinos colombianos casanareño a través de marcadores moleculares microsatélites. *Ecosistemas y recursos agropecuarios*. [en línea]. 7(3). ISSN 2007-901X. [Consulta: 12 septiembre 2022]. Disponible en: <https://era.ujat.mx/index.php/rera/article/view/2396>.
- GUARINI, Aline; LOURENCO, Daniela; BRITO, Luis; SARGOLZAEI, Mehd; BAES, Christine; MIGLIOR, Filippo y SCHENKEL, Flávio (2019). Use of a single-step approach for integrating foreign information into national genomic

- evaluation in Holstein cattle. *Journal of dairy science*. [en línea]. 102(9), 8175-8183. ISSN 0022-0302. [Consulta: 15 julio 2022]. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030219305867>.
5. BUENO, José. cruzamientos. *Engormix*. [En línea]. 25 mayo 2018. [Consulta 29 de julio de 2022]. Disponible en: <https://www.engormix.com/ganaderia-carne/articulos/buenovet-cruzamientos-t42274.htm>.
 6. VILLARES, Marlon. *Efecto de la consanguinidad en los parámetros reproductivos de vacas Holstein friesian, en la provincia de Cotopaxi. Ecuador. Ecuador*. Ecuador [en línea]. Pesántez Campoverde, Manuel Teodoro (tutor) [Tesis de Maestría]. Escuela Superior Politécnica de Chimborazo, Ecuador, 2019 [Consulta: 18 de abril de 2022]. Disponible en: <http://dspace.esPOCH.edu.ec/bitstream/123456789/13418/1/20T01292.PDF>.
 7. MEUWISSEN, The y LUO, Z. (1992). Introducción de vacuna contra el Rotavirus OPS en Ecuador. *Genet Sel Evol*, [Enlínea]. 24(4), 305-313. ISSN 1297-9686. [Consulta: 5 agosto 2022]. Disponible en: https://www.gse-journal.org/articles/gse/pdf/1992/04/GSE_0999-193X_1992_24_4_ART0002.pdf.
 8. QUAAS, R (1976). Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. *Biometrics*, [en línea]. 32(4), 949-953. ISSN 0006-341X. [Consulta: 17 julio 2022]. Disponible en: <https://doi.org/10.2307/2529279>.
 9. VILLARES, Marlon. Infosat. *Efecto de la consanguinidad en los parámetros reproductivos de vacas Holstein friesian, en la provincia de Cotopaxi. Ecuador*. [En línea]. 2011. [Consulta: 10 julio 2022]. Disponible en: <http://infostat.dirienzo.com.ar/estudiantil/>.
 10. BANOS, Georgios y CADY, Roger (1988). Genetic Relationship Between the United States and Canadian Hosltein Bull Population. *Journal of dairy science*. [En línea]. 71(5), 1346-1354. ISSN 0022-0302. [Consulta: 16 agosto 2022]. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0022030288796927>.
 11. FAO. Métodos de mejora genética en apoyo de una utilización sostenible [en línea]. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. 2015. [Consulta: 14 octubre 2022]. Disponible en: <https://www.fao.org/3/a1250s/a1250s18.pdf>.
 12. MAKANJUOLA, Bayode; MIGLIOR, Filippo; ABDALLA, Emhimad; MALTECCA, Christian; SCHENKEL, Flavio y BAES, Christine (2020). Effect of genomic selection on rate of inbreeding and coancestry and effective population size of Holstein and Jersey cattle populations. *Journal of dairy science*. [en línea]. 103(6), 5183-5199. ISSN 0022-0302. [Consulta: 3 agosto 2022]. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32278553/>.
 13. SIEKLIICKI, Michelli; MULIM, Henrique; PINTO, Luis; VALLOTO, Altair y (2020)., PEDROSA Victor. Population structure and inbreeding of Holstein cattle in southern Brazil. *Revista Brasileira de Zootécnia*. [en línea]. 49. ISSN 1806-9290 [Consulta: 8 agosto 2022]. Disponible en: <https://www.scielo.br/j/rbz/a/jrjyBNskqs76BTPBp3pZgHt/abstract/?lang=en>.
 14. GARCÍA-RUIZ, Adriana; COLE, John; VANRADEN, Paul; WIGGANS, George; RUIZ-LÓPEZ, Felipe y VAN TASSELL, Curtis (2016). 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*. [en línea]. 113(28), E3995-E4004. ISSN 0027-8424. [Consulta: 17 septiembre 2022]. Disponible en: <https://www.pnas.org/doi/pdf/10.1073/pnas.1519061113>.
 15. CRV. *10 Años de selección genómica*. [En línea]. 2021. [Consulta: 5 agosto 2022]. Disponible en: <https://crv4a11.com/>

- en / news / ten - years - of - genomic - selection - the - start - of - a - revolution.
16. KRISTENSEN, Torsten; PEDERSEN, Kamilla; VERMEULEN, Cornelis y LOESCHCKE, Volker (2010). Research on inbreeding in the 'omic'era. *Trends in ecology evolution*. [en línea]. 25(1), 44-52. ISSN 0169-5347. [Consulta: 27 agosto 2022]. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0169534709002274>.
 17. ANDERE, C; RUBIO, N; RODRIGUEZ, E; AGUILAR, I y CASANOVA, D (2017). Análisis de la consanguinidad de la población de bovinos Holando inscriptos en el sistema de Control Lechero Oficial de la República Argentina. *RIA. Revista de investigaciones agropecuarias*. [en línea]. 43(1), 92-97. ISSN 1669-2314. [Consulta: 15 septiembre 2022]. Disponible en: <http://www.scielo.org.ar/pdf/ria/v43n1/v43n1a13.pdf>.
 18. ALFONSO, Leo. *Manual GGPop: gestión genética de poblaciones pequeñas. España: UPNA, 2017*. Disponible en: <https://www.unavarra.es/rmga/ggpob/>.
 19. GARCÍA-RUIZ, Adriana; MARTÍNEZ-MARÍN, Gustavo; CORTES-HERNÁNDEZ, José y RUIZ-LÓPEZ, Felipe (2021). Niveles de consanguinidad y sus efectos sobre la expresión fenotípica en ganado Holstein. *Revista mexicana de ciencias pecuarias*. [en línea]. 12(4), 996-1007. ISSN 2007-1124. [Consulta: 3 agosto 2022]. Disponible en: https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S2007-11242021000400996&script=sci_abstract&tlng=es.
 20. RAMÍREZ-VALVERDE, Rodolfo; DELGADILLO-ZAPATA, Antonio; DOMÍNGUEZ-VIVEROS, Joel; HIDALGO-MORENO, Jorge; NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ, Rafael; RODRÍGUEZ-ALMEIDA, Felipe y GARCÍA-MUÑIZ, José (2018). Análisis de pedigrí en la determinación de la diversidad genética de poblaciones bovinas para carne mexicanas. *Revista mexicana de ciencias pecuarias*. [en línea]. 9(4), 615-635. ISSN 2007-1124. [Consulta: 16 agosto 2022]. Disponible en: https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S2007-11242018000400615.
 21. MEJÍA, L; HERNÁNDEZ, R; ROSERO, C y SOLARTE, C (2017). Análisis de la diversidad genética de ganado bovino lechero del trópico alto de Nariño mediante marcadores moleculares heterólogos de tipo microsatélite. *Revista de la Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia*. [en línea]. 62(3), 18-33. ISSN 2357-3813. [Consulta: 17 septiembre 2022]. Disponible en: <https://www.crossref.org/iPage?doi=10.15446/2Frvmvz.v62n3.54938>.



Artículo de libre acceso bajo los términos de una **Licencia Creative Commons Reconocimiento – NoComercial – CompartirIgual 4.0 Internacional**. Se permite, sin restricciones, el uso, distribución, traducción y reproducción del documento, siempre y cuando se realice sin fines comerciales y estén debidamente citados bajo la misma licencia.