



**Universidad Nacional de Río Cuarto**  
**Facultad de Agronomía y Veterinaria**

“Trabajo Final presentado  
para optar al Grado de Ingeniero Agrónomo”

**EVALUACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA A TRAVÉS DE LA INFORMACIÓN  
GENEALÓGICA EN UNA CABAÑA DE BOVINOS PARA CARNE**

Olivero, Santiago  
DNI 35.472.568

Director: Bocco, Oscar Alberto.

Codirectora: Macor, Laura.

Junio, 2019

**UNIVERSIDAD NACIONAL DE RÍO CUARTO FACULTAD DE  
AGRONOMÍA Y VETERINARIA**

**CERTIFICADO DE APROBACIÓN**

**Título del Trabajo Final:** Evaluación de la variabilidad genética a través de la información genealógica en una cabaña de bovinos para carne

**Autor:** Olivero, Santiago

**DNI:** 35472568

**Director:** Oscar, Bocco

**Codirectora:** Macor, Laura

**Aprobado y corregido de acuerdo con las sugerencias de la Comisión**

**Evaluadora:**

\_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_

\_\_\_\_\_

**Fecha de Presentación:** \_\_\_\_/\_\_\_\_/\_\_\_\_.

\_\_\_\_\_  
**Secretario Académico**

## RESUMEN

El progreso genético se logra merced a una selección racional que implica realizar apareamientos entre individuos de la misma raza o de distintas. Algunos animales pueden tener una relación genética y genealógica más estrecha que otros. Cuando se realizan apareamientos entre individuos emparentados pueden tener consecuencias perjudiciales en diferentes aspectos productivos del rodeo, aunque a veces sean necesarios para poder aumentar la presencia de ciertos genes en la población. Por lo tanto se debe tener en cuenta las relaciones de parentesco entre los individuos al momento de realizar los apareamientos. El objetivo de esta tesis fue evaluar la diversidad genética en la población de una cabaña Braford. Se realizó en base a la información proveniente de 1124 animales de una cabaña que fue procesada mediante los programas Pedigree Viewer 6.5b. y ENDOG v3. Se estimaron diferentes indicadores de la estructura poblacional entre ellos un análisis de integridad del pedigrí, el coeficiente de consanguinidad promedio, parentesco promedio, número efectivo de fundadores y ancestros. El coeficiente de consanguinidad promedio fue de 0,07%, la segunda generación es la que presentó mayor consanguinidad con un valor de 3,33%. El tamaño efectivo de la población fue de 244 animales, siendo este un número considerable para decir que existe variabilidad genética en el rodeo y el incremento de la consanguinidad fue de 0,2. Al momento de realizar los apareamientos resulta fácil encontrar individuos cuya descendencia no presente aumentos en la consanguinidad, debido a que el coeficiente de parentesco fue de 0,74. Por lo cual si se realizan los apareamientos de la manera adecuada teniendo en cuenta las relaciones de parentesco entre los individuos, se puede esperar mantener bajos los valores de consanguinidad y una aceptable variabilidad genética en la población que permita el progreso genético a través del proceso de selección.

## SUMMARY

Genetic progress is achieved through a rational selection that involves mating between individuals of the same or different breed. Some animals may have a closer genetic and genealogical relationship than others. When matings are made between related individuals can have detrimental consequences in different productive aspects of the rodeo, although sometimes they are necessary to increase the presence of certain genes in the population. Therefore, the relations of kinship between the individuals at the time of the mating should be taken into account. The objective of this thesis was to evaluate the genetic diversity in the population of a Braford hut. It was carried out based on information from 1124 animals of a hut that was processed through the Pedigree Viewer 6.5b programs. and ENDOG v3. Different indicators of the population structure were estimated, including an integrity analysis of the pedigree, the average inbreeding coefficient, average kinship, effective number of founders and ancestors. The average inbreeding coefficient was 0.07%, the second generation is the one that showed the highest consanguinity with a value of 3.33%. The effective size of the population was 244 animals, this being a considerable number to say that there is genetic variability in the herd and the increase in inbreeding was 0.2. At the time of mating it is easy to find individuals whose offspring do not show increases in consanguinity, because the kinship coefficient was 0.74. Therefore, if the matings are carried out in an appropriate manner taking into account the kinship relations between the individuals, it is expected to keep the inbreeding values low and an acceptable genetic variability in the population that allows the genetic progress through the process of selection

## ÍNDICE

|  | Pág. |
|--|------|
| I. Introducción  | 1    |
| Hipótesis y Objetivos                                    | 12   |
| II. Materiales y métodos                                 | 13   |
| a. Análisis del pedigrí                                  | 13   |
| b. Representación de los fundadores de la cabaña         | 13   |
| c. Consanguinidad, parentesco promedio y número efectivo | 14   |
| III. Resultados y discusión                              | 15   |
| a. Análisis del pedigrí                                  | 15   |
| b. Representación de los fundadores de la cabaña         | 17   |
| c. Consanguinidad, parentesco promedio y número efectivo | 18   |
| IV. Conclusiones   | 21   |
| V. Bibliografía  | 22   |

## INTRODUCCIÓN

La biodiversidad es la variación de la vida en todas sus formas, niveles y combinaciones, incluyendo la diversidad genética, la diversidad en las especies y la diversidad en los ecosistemas. El aprovechamiento de la misma permite mejorar la producción ya que la diversidad genética suministra la materia prima para el mejoramiento de las razas y la adaptación de las poblaciones ganaderas a ambientes y demandas cambiantes (FAO, 2010). Muchas veces se ha generado el sobreuso de material genético determinado afectando la variabilidad de las razas y la biodiversidad sustentable de la especie. La diversidad genética de las especies domesticadas se ha utilizado de forma eficaz (Bejarano et al., 2012). A lo largo de varios siglos, se han seleccionado animales con una amplia variedad de características, resultando en el desarrollo de las 4500-5000 razas actuales entre las distintas especies usadas en ganadería (FAO, 2010). Poseer recursos genéticos suficientemente amplios garantiza la adaptación y viabilidad de una especie o una raza a entornos de producción variables (Fernández *et al.*, 2004).

Turton (1974) definió una raza como un grupo homogéneo, subespecífico de ganado doméstico con características externas definibles e identificables que les permiten ser separados por evaluación visual de otros grupos definidos similarmente dentro de la misma especie, o un grupo homogéneo donde la separación geográfica de los grupos fenotípicamente similares ha llevado a la aceptación general de su identidad separada. El significado de razas no es solo su identidad separada; cada una comprende un único set de combinación de genes, y cómo está siendo ahora más reconocido cada una tiene una adaptabilidad específica (Barker 2001).

Durante las últimas cuatro o cinco décadas, la evolución y la expansión de la producción de ganado intensiva y la exportación de sistemas de producción completos han conducido a la reducción de la diversidad mediante la sustitución a gran escala de las razas locales (Solarte *et al.*, 2009).

El mejoramiento genético de una raza consiste en aplicar principios biológicos, económicos y matemáticos, con el fin de encontrar estrategias óptimas para aprovechar la variación genética existente en una especie de animales para maximizar su mérito. Esto involucra tanto a la variación genética entre los individuos de una raza, como la variación entre razas y cruza. La mejora genética se logra generación tras generación, a través del aumento de las frecuencias de genes favorables, que determinan características deseadas. Para esto se realiza un uso continuo de reproductores superiores, cuyo germoplasma, aplicado al animal comercial, es clave para que este mejore a través de las generaciones (Montaldo y Barria, 1998).

La manifestación del fenotipo, se debe a la acción conjunta de la constitución genética de los individuos y el efecto del ambiente. La estimación del genotipo oculto, a partir de la manifestación fenotípica, en la que participa el ambiente, se realiza mediante el empleo de la estadística. En la población pueden estimarse parámetros, como valor genético (VG) estimado de los individuos, la varianza fenotípica, la varianza genética total, y la varianza genética aditiva, la heredabilidad y correlaciones, entre otros. El uso de estos parámetros permite la selección de los candidatos a reproducción, mediante métodos objetivos basados en parámetros científicos. El efecto de la sustitución de genes logrados por la selección está asociado al valor genético aditivo (VGA). Este expresa el mérito de los individuos como reproductores, los que transmiten a sus hijos la mitad de su VG, y se estima como la diferencia esperada de los hijos respecto de la media de la población, y es conocido como diferencia esperada de la progenie (DEP) (Molinuevo, 2005).

Un elemento esencial para lograr una alta respuesta a la selección, en una población, es la presencia de variabilidad genética. La reducción de la variabilidad y la consanguinidad son problemas que aparecen en cualquier raza y suelen terminar con sus posibilidades comerciales y provocar su declinación (Cantet, 2016). El conocimiento de la diversidad genética de una población y de los factores que la afectan, permite evaluar el efecto de las acciones realizadas, continuar con el programa de selección en uso o tomar medidas correctivas (McManus *et al.*, 2011).

La mayor precisión en la identificación de animales superiores, elección de un número restringido de reproductores - sumado a los avances en la biotecnología reproductiva han contribuido a aumentar los niveles de consanguinidad, y esto podría reducir la productividad de los sistemas de producción de carne (Maignel et al., 1996, Schindler, et al. 2008).

La raza Braford Argentina se constituyó, desde hace más de 50 años para cubrir una necesidad ganadera en un vasto territorio donde otras razas no podían prosperar. A partir de la introducción de genética Brahman, principalmente, y Nelore (*Bos indicus sp.*) en rodeos Hereford (*Bos taurus sp.*) se logró un biotipo caracterizado por alta producción aún en condiciones ambientales adversas, de clima sub tropical, y otras regiones como la pampeana húmeda y subhúmeda y la precordillera. En los últimos 16 años de crecimiento, la raza se ha posicionado en la región Litoral y Norte del país. Actualmente se encuentra entre las cuatro razas de carne más representativas de la Argentina siendo, una raza relativamente nueva en el país es la que mayor crecimiento ha presentado en los últimos años (ABA, 2016).

La formación de una nueva raza es un proceso complejo, pero su crecimiento y desarrollo es más difícil aún. La fuerte presión de selección que se ejerce en las cabañas para conseguir animales uniformes tiende a reducir fuertemente la variabilidad, con serias consecuencias para la selección de la nueva raza. De esta manera disminuye enormemente la posibilidad de encontrar animales distintos y, por lo tanto, limita el avance de la población por selección a largo plazo. Al mismo tiempo que disminuye la variabilidad, aumenta la consanguinidad (Cantet, 2016).

Una manera de estudiar la variabilidad de una raza o de una población en un establecimiento comercial es mediante el análisis de parámetros poblacionales en base a información provista por el pedigree, entre ellos se puede estimar: estructura poblacional, consanguinidad, parentesco promedio y número efectivo. El grado de integridad y contenido del pedigrí permite revisar las relaciones genealógicas de un ser vivo, así como la estructura y dinámica de las poblaciones (Falconer y Mackay, 1996; Gutiérrez et al., 2003) y determinar el nivel de precisión de las estimaciones que requieren el uso de la información genealógica en su cálculo (Dominguez Viveros *et al.*, 2012).

La evaluación de integridad del pedigrí, puede realizarse mediante el cálculo de la contribución de cada ancestro (por vías materna y paterna) en el árbol genealógico hasta la quinta generación parental (Gutiérrez y Goyache, 2005). El CIP es definido para el individuo  $i$  como:

$$CIP_i = \frac{2 C_p C_m}{C_p + C_m} \quad 1.1$$

En 1.1  $C_p$  y  $C_m$  son las contribuciones de las líneas paternas y maternas, respectivamente, al individuo  $i$ . Las citadas contribuciones se calculan tal como se muestra más adelante en 2.2. En esta última expresión,  $g_{ij}$  es la proporción de ancestros presentes en la generación  $j$ , para el individuo  $i$ , siendo  $d$  el número total de generaciones que se tienen en cuenta (Gutiérrez y Goyache, 2005).

$$C_i = \frac{1}{d} \sum_{j=1}^d g_{ij} \quad 1.2$$

Cuando se conoce el pedigrí es posible estimar, mediante el análisis de las genealogías, la proporción de genes derivados de un ancestro específico a través del trazado de las genealogías de todos los individuos, y el cálculo de la proporción de la contribución genética individual de cada ancestro como la fracción de líneas de pedigrí que se remontan a ese antepasado. Para cada ancestro, esas proporciones pueden ser promediadas para dar parte de los genes de los ancestros en toda la población (James, 1972). Éste parámetro es conocido como  $f_e$  y se define como el número de fundadores. Según Cervantes (2008), la representación de cada fundador en los individuos tomados como referencia es muy variable, dependiendo del uso preferente que se haga o no de cada uno de los reproductores; así, la probabilidad de origen de los genes proporciona información de gran valor en el conocimiento del flujo de los genes, y en consecuencia de la estructura genética de la población.

El análisis de fundadores generalmente sobreestima la diversidad genética contenida en una población, debido a que se asume que animales con progenitores desconocidos no están emparentados. Al igual que la consanguinidad, los parámetros derivados de la probabilidad de origen del gen se ven afectados por la calidad del pedigrí, pero en menor medida (Boichard *et al.*, 1997). Para maximizar la retención de variabilidad genética en una población cerrada, los fundadores deberían tener el mismo número de descendientes y en gran cantidad. Se considera que en la gran mayoría de las poblaciones “reales”, la contribución de fundadores es desigual. Estimar el número efectivo de fundadores con permite contabilizar la representación de fundadores y la pérdida de variabilidad genética en las poblaciones. (Lacy, 1989). Una limitación de éste parámetro es que ignora la restricción resultante de posibles cuellos de botella en el pedigrí, que ocurren principalmente cuando existe alta intensidad de selección y el material genético de unos pocos animales está muy extendido en la población (Boichard *et al.*, 1997) favorecido por el uso extendido de inseminación artificial y transferencia de embriones.

Para minimizar esa sobreestimación, Boichard *et al.*, (1997) propone estimar el número mínimo de ancestros ( $f_a$ ) (fundadores o no) necesarios para explicar la diversidad genética observada en una población. Los ancestros son elegidos con base en su contribución genética. Sin embargo, como los ancestros pueden no ser fundadores, podrían estar relacionados y su contribución esperada sería redundante y sumar más de uno, por ello, sólo la contribución marginal (contribución no explicada por otros ancestros) debería ser considerada. Las redundancias de la contribución esperada deben ser eliminadas para considerar sólo la marginal.

Los dos parámetros mencionados anteriormente permiten realizar inferencias sobre el origen del material genético de la población, derivan de las contribuciones genéticas de los individuos y describen la diversidad de las poblaciones. Además permiten realizar inferencias respecto al efecto de las estrategias de apareamiento sobre la variabilidad poblacional. El parámetro  $f_e$  representa el número de fundadores con contribuciones similares a la población, que se espera generen la misma diversidad genética en la población (Gutiérrez y Goyache, 2005). Se estima con la expresión 1.3, donde la sumatoria corresponde a las contribuciones

genéticas del fundador  $i$  en la población actual,  $N_f$  es el número total fundadores y  $N$  la cantidad de individuos en la población

$$f_e = \frac{1}{\sum_{i=1}^{N_f} \left( \frac{c_{i(0,t)}}{N} \right)^2} \quad 1.3$$

El parámetro  $f_a$  representa el número mínimo de ancestros no necesariamente fundadores que permiten explicar la diversidad genética de la población bajo estudio y complementa la información proporcionada por el parámetro anterior, dado que, como se explicó anteriormente, tiene en cuenta la pérdida de variabilidad genética por efecto de cuellos de botella (Boichard *et al.*, 1997) y se estima según la siguiente expresión:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{i=1}^m a_i^2} \quad 1.4$$

Donde  $a_i$ , es la contribución marginal de cada ancestro y  $m$  el número total de ancestros. La contribución marginal se refiere a la correspondiente a un individuo ancestral que no puede ser explicada por sus propios ancestros. Estas se estiman mediante un proceso iterativo (Gutiérrez y Goyache, 2005).

El estudio de la consanguinidad en la producción pecuaria es importante ya que, como se dijo, se asocia con una depresión en la productividad (Falconer y Mackay, 2001). La depresión por consanguinidad afecta diferentes variables de interés productivo. La magnitud de este efecto depende de la heredabilidad de las mismas. Es mayor en aquellas variables de menor heredabilidad como por ejemplo el intervalo parto-concepción y la mortalidad embrionaria (Northcutt *et al.*, 2004). Se observó que un aumento en la consanguinidad del ganado bovino, tiene efectos adversos sobre variables relacionadas al crecimiento desde el nacimiento hasta la madurez y en variables maternas. Más específicamente por cada 1% de incremento en el coeficiente de consanguinidad se observa una disminución del 0,06% en peso al nacer, 0,44% en peso al destete y 0,69% en peso al año. Además, se observa una reducción en la producción de leche materna, con consecuencias en peso al destete. Otras variables afectadas son el porcentaje de concepción, la fertilidad en hembras y machos, conformación,

eficiencia de conversión y variables relacionadas a la calidad de carne (Burrow 1993). Según Fernandez (2005) un incremento del 10% de consanguinidad en los rodeos puede generar una disminución del 10% en el número de terneros destetados. El porcentaje de preñez y de destete, los pesos al nacer y al destete, así como la circunferencia escrotal. La disminución de la diversidad genética provocada por el aumento de consanguinidad, contrarresta la respuesta a la selección (Ruiz Flores *et al.*, 2006; Cantet, 2016; Verde, 2016) El coeficiente de consanguinidad de un individuo, es la probabilidad de que dos genes muestreados en un determinado locus en el del individuo, sean idénticos por descendencia. La consanguinidad media se refiere al promedio de los coeficientes de consanguinidad de cada individuo.

La tasa de incremento en la consanguinidad se calcula para cada generación mediante la fórmula 1.5, donde  $F_t$  y  $F_{t-1}$  representan al coeficiente de consanguinidad promedio de la generación t.

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}, \quad 1.5$$

Como puede inferirse en la ecuación 1.5 la consanguinidad es el resultado del apareamiento entre animales emparentados, es decir que poseen por lo menos un antepasado común. El apareamiento entre parientes cercanos permite concentrar genes favorables en la progenie, aumentando el porcentaje de genes homocigotas. Así como aumentan los genes favorables, también aumenta la cantidad de genes indeseables. Estos son generalmente recesivos, y se expresan solamente cuando el animal es portador de dos copias iguales para el mismo gen (homocigosis). Cuando esto sucede, se generan desórdenes genéticos que pueden afectar caracteres como reproducción, longevidad, supervivencia y aptitud funcional de la progenie, provocando lo que se llama “depresión por endogamia”; que afecta negativamente también a características positivas que brinda la heterosis o vigor híbrido. Es importante definir el manejo de los reproductores más conveniente para cada situación, teniendo en cuenta la consanguinidad promedio de la población. Dado los efectos negativos de la consanguinidad, y su contraposición con los objetivos buscados a través de la selección, es un

fenómeno que se debe tener presente y conocer sus niveles en las poblaciones, de manera de poder mantenerlo bajo control (Navajas, 1996).

Ante un problema de disminución de la variabilidad asociado a la consanguinidad las razas compuestas de formación más reciente tienen la ventaja, en comparación con las razas tradicionales de pedigrí cerrado, de que – mediante nuevos cruzamientos - puede reducirse aumentando el número de animales no emparentados con la población actual. Sin embargo para criadores avanzados las medidas son más complicadas, pero más urgentes. Para el criador es importante conocer cuál es la consanguinidad promedio del rodeo, para la raza esto es importante ya que el control de la consanguinidad debe realizarse en las cabañas individualmente. La magnitud de la consanguinidad en una población es determinada a través del coeficiente de consanguinidad. En la medida de que dos animales sean parientes comparten una proporción de genes que provienen del antepasado en común. Como consecuencia del apareamiento entre parientes, la progenie tendrá una mayor proporción de genes idénticos que si sus padres no fueran parientes, lo cual lleva a una mayor homocigosis (Navajas, 1996). El coeficiente de consanguinidad de un individuo, es la probabilidad de que en un locus determinado, el individuo posea dos alelos idénticos por descendencia (Falconer y Mackay, 2001). La consanguinidad induce un incremento en la presión selectiva en contra de los alelos desventajosos parcialmente recesivos, debido a su mayor expresión en homocigosis. Esto condiciona la viabilidad y el éxito de los programas de mejora genética (García Dorado, 2010).

La consanguinidad estimada a partir de la información genealógica permite conocer para cada animal de una población cuáles fueron sus progenitores. En base a esta información se puede calcular el parentesco entre cualquier par de individuos y determinar la consanguinidad de cada animal, siendo ambas medidas relativas a la población base. Está generalmente definida por los animales más antiguos de los cuales se carece de información sobre sus progenitores, y que por lo tanto asumimos no emparentados y poseer consanguinidad nula (Navajas, 1996) Según Cantet (2016) en general, los criadores son eficientes en evitar aparear dos animales que son padre-hija (madre-hijo) o hermanos enteros. Sin embargo,

aparecen, cada tanto, apareamientos de medio hermanos, y con mucha mayor frecuencia los resultados de aparear tío/a-sobrino/a.

Los mayores valores de consanguinidad generalmente se observan en poblaciones pequeñas, cerradas genéticamente o con el uso intensivo de pocos reproductores mediante inseminación artificial (IA). La consanguinidad no afecta todas las características ni todas las poblaciones con la misma intensidad, por lo que se requiere cuantificar sus efectos para casos particulares (Ruíz-Flores et al, 2006).

En un estudio realizado en Argentina sobre un rodeo cerrado de raza Hereford, Schindler *et al.* (2008), estimaron un coeficiente de consanguinidad promedio, de 2,78%. En estudios hechos en Angus, está demostrado que los valores de consanguinidad de entre 5 y 6% pueden afectar en gran medida el progreso genético para peso al nacimiento, peso al destete y ganancia diaria de peso (Vilela Velarde, 2011).

Para la raza Braford, Cantet (2016) demuestra en un análisis de pedigrí que 9473 animales eran consanguíneos ( $F$  mayor que 0), mayormente en los últimos 3 años. El valor de  $F$  promedio, fue estimado en 0.4%. Sin embargo, ya que el pedigrí es incompleto porque existe una alta proporción de vacas con padre desconocido, es de esperar que este valor sea mucho mayor. Cuando este valor se estimó a través del tamaño efectivo, arrojó valores de aproximadamente 0.8%, el doble de lo estimado a través del pedigrí. En resumen, para toda la raza en conjunto el valor de  $F$  no es preocupante, pero muy posiblemente pueda serlo en el futuro, para algunos rodeos con promedio de 5% o más.

La estimación del nivel de parentesco promedio es otro de los parámetros que contribuye a realizar inferencias sobre la variabilidad de una población, estimando el parentesco medio existente entre los individuos de la población. El mismo está dado por la probabilidad de que un alelo muestreado aleatoriamente en la población pertenezca a un individuo determinado (Goyache et al., 2003; Gutiérrez et al., 2003), y es definido como el porcentaje de representación genética de cada animal en el conjunto de la población, y se calcula como la media de los coeficientes de co-ascendencia de cada animal con el resto de los animales de la población. Este valor tiende a ser más alto cuando todos los individuos

están altamente relacionados y no hay posibilidades de apareamientos entre individuos que están nula o poco emparentados. Un valor bajo de éste parámetro junto con un alto promedio de consanguinidad sugiere un amplio uso de apareamientos dentro del plantel (Gutiérrez et al., 2003), con poco o nulo flujo de genes al exterior. Por el contrario, los apareamientos entre individuos de diferentes familias disminuyen ambos parámetros.

El número de individuos adultos en una población real, puede ser mayor que el número de individuos que realmente se aparea y contribuye con sus genes a la siguiente generación: el número de individuos de la población real, que producen el mismo cambio en la frecuencia génica, o sea, un grado de endogamia, igual al que generaría un número similar de individuos en una población ideal (Falconer y Mackay, 2001). Este parámetro se conoce como Tamaño efectivo ( $N_e$ ) y permite realizar inferencias sobre la tasa de deriva genética y consanguinidad (Caballero, 1994), ya que cuantifica la tasa a la cual la variabilidad genética es erosionada por la deriva génica. La estimación del ( $N_e$ ) puede realizarse evaluando la consanguinidad calculada por medio de las relaciones de parentesco como se muestra en la ecuación 1.6.

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F} \quad 1.6$$

Macor (2013) estimó estos parámetros para la población Braford Argentina. En su análisis el origen de los individuos se caracterizó por un desbalance en el número de animales que contribuyeron equitativamente al material genético de la población: el número efectivo de fundadores fue de 849, considerablemente menor al número real de fundadores (48648), y el número efectivo de ancestros fue igual a 283. Estos parámetros en general se observaron dentro del rango considerado consistente como para permitir una respuesta a la selección razonable. En su trabajo el valor de  $N_e$ , fue estimado entre 119.6 y 129.6 individuos. Usando un tamaño efectivo de 125, se espera una consanguinidad promedio de la raza de aproximadamente  $1 / 125 = 0.008$  u 0.8%.

En base a éstos resultados Cantet (2016) explica que para la raza en conjunto el valor de  $F$  no es preocupante, pero muy posiblemente pueda serlo en el futuro en rodeos con

promedio de 0.05 (5%) o más. La pérdida de diversidad genética en estos rodeos afecta la mejora genética generada en el programa de selección. Es por eso que el armado y organización del pedigrí de una cabaña, así como la estimación del nivel de consanguinidad es de suma importancia para conocer el resultado de las decisiones al momento del apareamiento y planificar estrategias a futuro en el caso de presentar valores de consanguinidad medios o altos. En el presente trabajo se analizará la estructura del pedigree y los valores de consanguinidad de una cabaña de la raza Braford Argentina.

## **HIPÓTESIS**

Existe variabilidad genética en la población bajo estudio

## **OBJETIVOS**

Objetivo General: Evaluar la diversidad genética de la población.

Objetivo Específicos

- 1) Evaluar el nivel de integridad del pedigrí
- 2) Evaluar la estructura poblacional
- 3) Estimar el valor de consanguinidad promedio.

## **MATERIALES Y MÉTODOS**

Se ha analizado la información disponible del registro de pedigrí de una cabaña integrante de la Asociación Braford Argentina, correspondiente al estrato multiplicador de la misma. Los animales contaban con la información de la madre, el padre, el sexo, y la fecha (o año) de nacimiento de cada animal. Originalmente se disponía de los datos de 1150 animales, luego de ordenar el pedigrí y eliminar aquellos datos incompletos o inconsistentes quedaron 1124 animales en estudio. Para comenzar a analizar describir la diversidad genética de un rodeo de cría que realiza selección se procedió a organizar el pedigrí para el análisis posterior de su estructura y la estimación de la consanguinidad promedio.

### **A. Análisis del pedigrí**

El pedigrí fue ordenado y reenumerado para poder procesarlo y analizarlo con el programa PEDIGREE VIEWER 6.5b (Kinghorn, 2011). El programa lee archivos de datos simples y muestra la estructura de pedigrí completa. Cada animal está representado por su identidad, o su nombre, o por su valor para cualquiera de los rasgos en el archivo de datos. Puede mostrar un pedigrí grande de miles de animales en la pantalla al mismo tiempo. Puede encontrar animales por identidad, o por mérito o rango de mérito para un rasgo determinado. Es útil además para explorar alrededor de un conjunto de datos de pedigrí para tener una idea de su estructura y cualquier problema que pueda contener.

### **B. Representación de fundadores en la cabaña**

Los cálculos se realizaron a partir del pedigrí disponible, mediante el programa ENDOG v.3 (Gutierrez y Goyache, 2005). Que los estima según las ecuaciones que se expresaron en 1.1, 1.2, 1.3 y 1.4. El programa maneja información de pedigrí para realizar varios análisis demográficos y genéticos, que incluyen: (a) la endogamia individual y los coeficientes de relación promedio; (b) tamaño efectivo de la población; (c) los parámetros que caracterizan la concentración de genes y el origen de los individuos, como el número efectivo de fundadores y ancestros, el número efectivo de rebaños fundadores; (d) estadísticas y

distancias genéticas pareadas para cada sub población bajo estudio; (e) descripciones de la importancia genética de los rebaños en una población y (f) intervalos de generación. El programa ayudará a monitorear los cambios en la variabilidad genética y la estructura de la población.

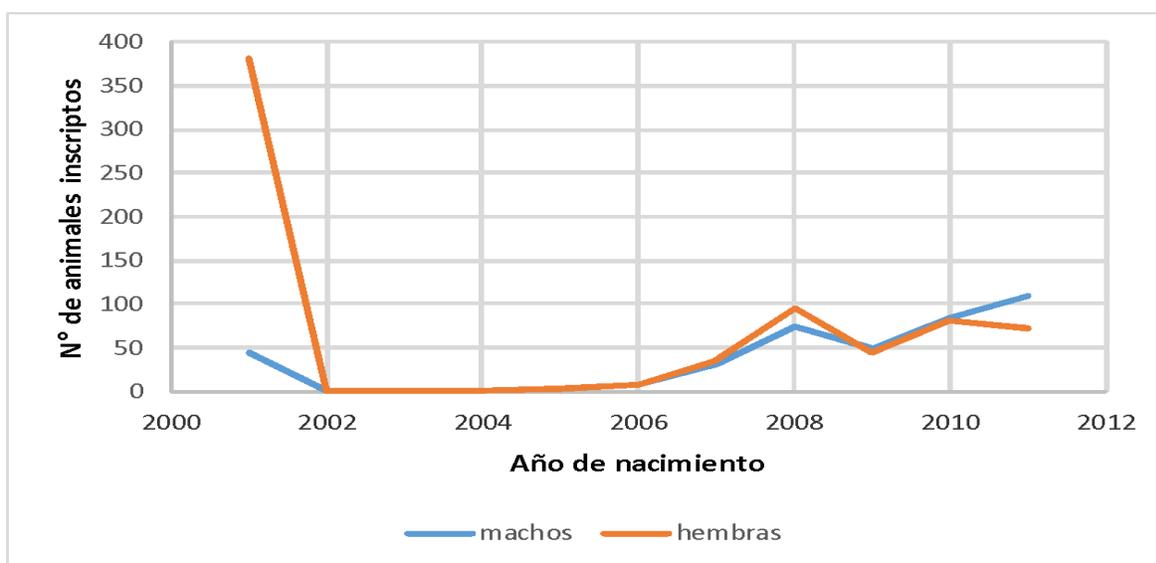
### **C. Consanguinidad, parentesco promedio y número efectivo.**

Los cálculos se realizaron a partir del pedigrí disponible, mediante el programa ENDOG v.3 (Gutierrez y Goyache, 2005). Que los estima según las ecuaciones que se expresaron en 1.5 1.6. Para la estimación del  $N_e$  se tomó el incremento en la consanguinidad estimado por el número de generaciones equivalentes. Mediante este se puede inferir el valor real del parámetro (Gutiérrez y Goyache, 2005)

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### A. Análisis del pedigrí

La cabaña comenzó con un número de 425 animales inscriptos en el año 2001, de los cuales eran 380 hembras y 45 machos. En los años 2002, 2003 y 2004 no se realizaron inscripciones. A partir del 2005 el número de animales inscriptos por año aumento progresivamente hasta el año 2009, donde se inscribieron únicamente 50 animales y luego llevo a 182 animales en el año 2011. La proporción de machos y hembras fue aproximadamente del 50% para cada género (Figura 1).

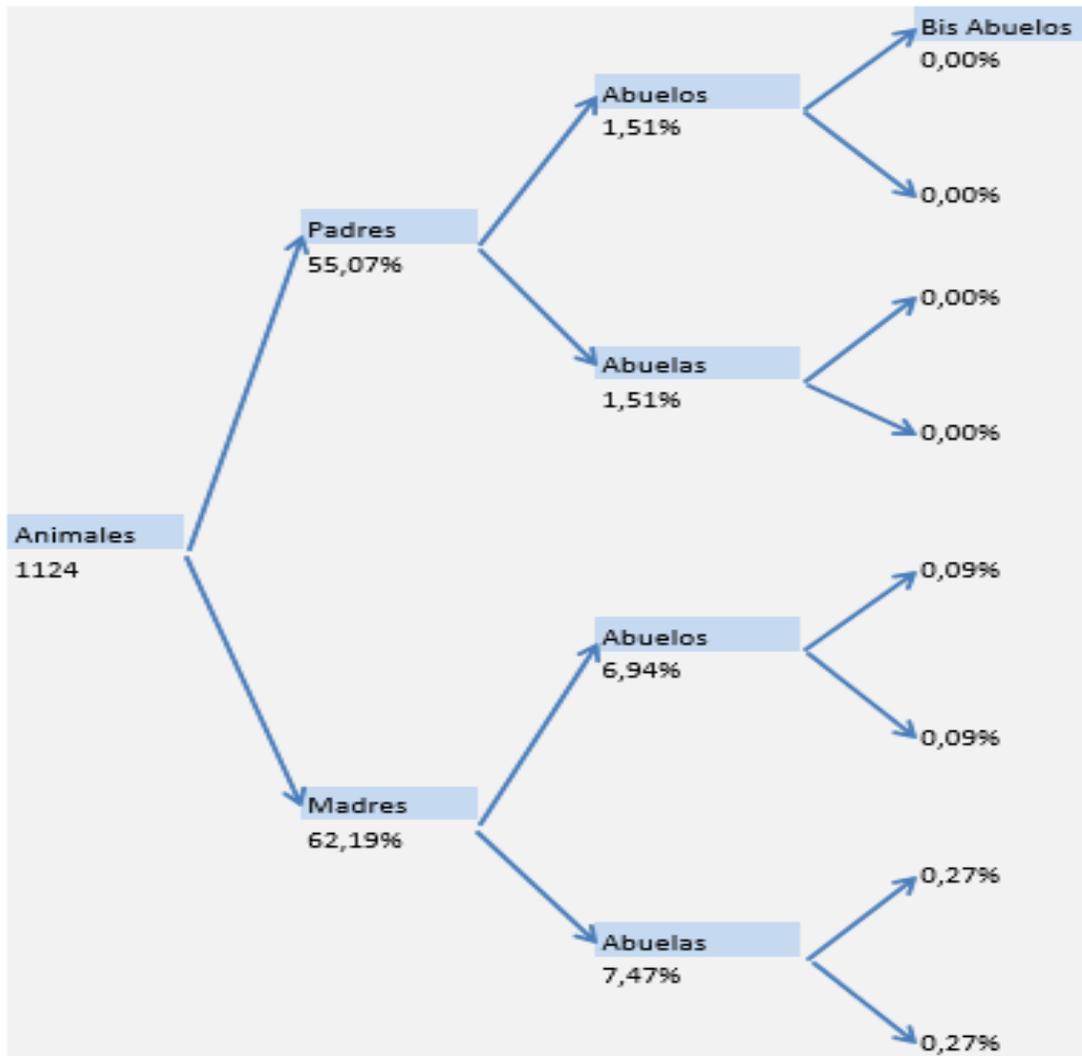


**Figura 1: Número de machos y hembras inscriptos anualmente en la Asociación Braford Argentina**

Lo expresado anteriormente permite explicar los resultados obtenidos al analizar el nivel de integridad del pedigrí (Figura 2), que depende del número de animales inscriptos por la cabaña. Se observó una mayor proporción de animales con madres conocidas, a diferencia de los individuos con padres conocidos: 62.19% de individuos con madres identificadas, versus un 55.07% de animales con padres conocidos. La rama materna dispone de información de 3 generaciones anteriores, mientras que en la de los padres solo se encuentra información de dos generaciones. La población bajo estudio estuvo compuesta por tres generaciones, la

primera conformada por 605 animales, 90 en la segunda y 4 en la tercera. Los resultados del coeficiente de integridad del pedigrí (CIP) fueron de 0,59, 0,045 y 0,001 para la primera, segunda y tercera generación respectivamente. Mac Cluer *et al.*, (1983) consideraron que un pedigrí dispone de información suficiente para darle confiabilidad a las estimaciones cuando este valor es superior a 0.6.

La falta de información genealógica limita el alcance de las predicciones realizadas en base a las misma (Dominguez Viveros *et al.*, 2012). El valor CPI obtenido en la primera generación, que es la que mayor cantidad de animales presentó, responde a este parámetro, por lo que puede decirse las estimaciones realizadas en base a este pedigree pueden ser confiables para evaluar la variabilidad de la población, sin embargo en la segunda y tercera generación los valores de CIP no generan la misma confiabilidad.



**Figura 2: Nivel de integridad del pedigrío.** Los valores expresan el número de animales totales en el pedigrío y los porcentajes indican la proporción de individuos con ancestros conocidos, según correspondan.

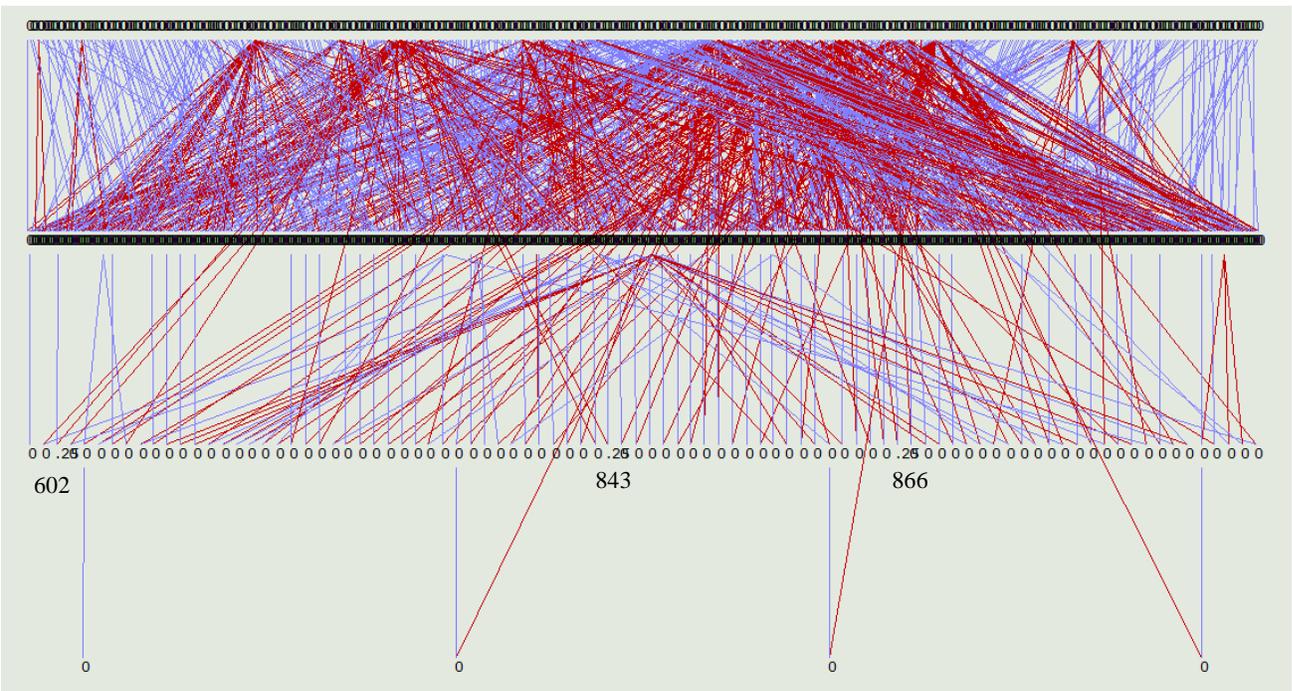
### B. Representación de fundadores en la cabaña

El número de fundadores que contribuyeron a la población de referencia, conformada por aquellos individuos con madre y padre conocidos fue de 619. Este número refleja pobremente la diversidad genética original porque ellos pueden estar emparentados entre si y sus contribuciones genéticas de pueden resultar desbalanceadas. Si el número efectivo de fundadores ( $f_e$ ) es menor al número efectivo de ancestros ( $f_a$ ), es indicador de un desbalance en el número de animales que contribuyeron equitativamente material genético original de la población. Esta situación se produce principalmente cuando se hace el uso

preferencial de reproductores, es consistente con una pérdida de material genético en la población. En este caso los valores de ambos parámetros fue igual 55 individuos. De esta manera puede decirse que la contribución de los fundadores fue equivalente, lograron dejar descendencia en la población, pueden contribuir genéticamente a las próximas generaciones, de forma uniforme, es decir que producirían la misma diversidad genética.

### C. Consanguinidad, parentesco promedio y número efectivo.

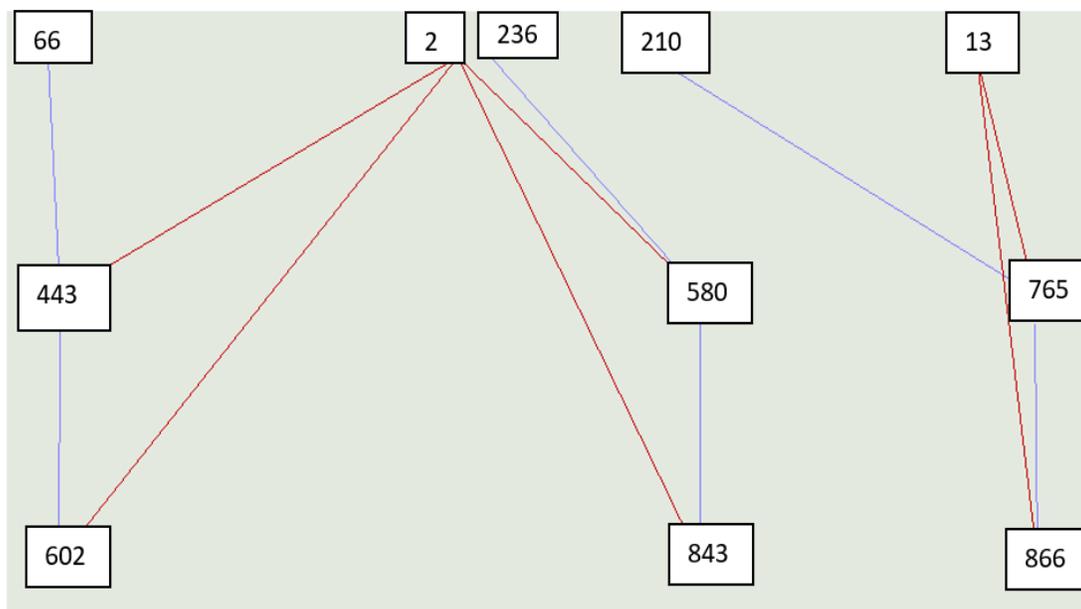
El coeficiente de consanguinidad promedio (F) se estimó en 0,07%. La mayor consanguinidad detectada fue en la segunda generación con un valor de 3.33% (Figura 3).



**Figura 3: Diagrama de pedigrí por generaciones (valores de consanguinidad).** Los números indican la identificación de los tres individuos que mostraron consanguinidad (Figura 2).

La ausencia de consanguinidad en la primera generación puede ocurrir debido al hecho de que en esa generación se producen los primeros hijos de los animales fundadores. En los animales de la segunda generación se observa la presencia de consanguinidad, pero en niveles bajos. Se observaron únicamente tres individuos consanguíneos dentro de la cabaña

(Figura 4), y presentaron valores de 0,25. En este caso se debe a que estos animales comparten padre con sus madres respectivas, es decir que se realizaron cruzamientos entre padres e hijas.



**Figura 4: Pedigree de individuos consanguíneos observados.** Los números indican la identificación de los tres individuos que mostraron consanguinidad (Figura 2).

La tasa de incremento en la consanguinidad evaluado en generaciones equivalentes fue de 0,20. A partir de este valor se estimó el tamaño efectivo de la población que resultó en 244 animales. Este valor se encuentra dentro del rango considerado consistente como para permitir una respuesta a la selección razonable, indicando que no hubo una utilización preferente de individuos emparentados. El mismo, se relaciona con una consanguinidad promedio de aproximadamente 0,4 % ( $1 / 244 = 0.004$ ). Un valor mayor que el estimado mediante el pedigrí. Considerando que la estimación de F a través del pedigrí fue mucho menor 0,07%, es necesario tener en cuenta la posibilidad de que el valor de consanguinidad obtenido se esté subestimando, debido al bajo número de generaciones intervinientes en el análisis y a la menor cantidad de animales en la segunda y tercera generación. En general se considera deseable que la consanguinidad promedio no sea superior a 3%, si es  $>$  a 5%, es recomendable tomar medidas para reducir ese valor en el futuro (Cantet, 2016). De acuerdo a esto la consanguinidad estimada entre un 0,07% y un 0,4% se encuentra muy por debajo de los valores máximos recomendados.

Ruiz Flores (2016) en un trabajo realizado con datos provenientes de 5 rebaños de ganado Brahman, obtuvieron un promedio global de consanguinidad de 0.574%, concluyendo que se disponen de buenos programas de apareamientos, pero también y se detectó que en los animales consanguíneos se encontraron resultados desfavorables en caracteres estudiados, como reducción del peso, al nacer, a 205 y a 548 días. En una evaluación de la raza realizada para la raza por Macor (2013) con un bajo nivel de identificación de las paternidades obtuvo un valor insignificante de consanguinidad ( $F = 0.04$ ) para la raza. En la misma raza y mediante otra metodología Alvarez Dolinar *et al.*, (2010) observaron un valor de 0,0025. En la misma raza los coeficientes son semejantes, pero muy inferiores a los observados en otras razas de carnes, ésta situación puede deberse a que la raza es relativamente nueva en formación, y que el pedigree presenta inconsistencias e impide obtener estimaciones precisas.

El coeficiente de parentesco promedios (AR) fue estimado en 0,74. Este coeficiente es indicador de la consanguinidad a largo plazo originada por el hecho de utilizar un reproductor. Independientemente de que un animal tenga un coeficiente de consanguinidad muy alto porque sus padres tengan antepasados comunes, un coeficiente AR bajo significa que un animal comparte un porcentaje pequeño de genes con el resto de la población. En coherencia con lo observado en el coeficiente de consanguinidad este resultado indica que será fácil encontrar individuos dentro de la población para aparearse sin generar consanguinidad en los futuros descendientes (Goyache et al., 2010). De esta manera puede inferirse que si en este rodeo, se dirigen los apareamientos considerando las relaciones de parentesco entre los individuos, evitando los apareamientos padre/hija, abuelo/nieta, tía/sobrino, pueden mantenerse bajos valores de consanguinidad manteniendo la variabilidad de la población y su respuesta a la selección.

## CONCLUSIONES

Al analizar la información proveniente de la cabaña Braford se puede decir que existe un nivel de variabilidad genética aceptable en el rodeo. No se registraron valores que pudiesen resultar problemáticos en torno a la consanguinidad, sin embargo los registros analizados no eran completos, por lo que estos valores pueden ser aproximados.

Puede decirse que los apareamientos en general han sido dirigidos correctamente, teniendo en cuenta los parentescos entre los reproductores. Se recomienda continuar de esta manera, siguiendo el criterio de evitar los apareamientos entre parientes e ir incorporando con el tiempo, nuevos reproductores para incluir nuevos fundadores, evitar que disminuya la variabilidad genética existente y poder mantener bajos valores de consanguinidad. De esta manera se podrá hacer más eficiente el proceso de selección, teniendo en cuenta que deben existir en el rodeo, la presencia de nuevos genes que puedan contribuir a mejorar genética y fenotípicamente el rodeo, con el objetivo de evitar que se produzca un estancamiento en el proceso de selección.

Es necesario destacar que para que esto sea posible, es indispensable continuar con los registros de pedigrí de la cabaña, a lo fines de realizar éste mismo análisis en un futuro y poder valorar que está sucediendo en las generaciones recientes.

## BIBLIOGRAFIA

- ASOCIACION BRAFORD ARGENTINA 2016, <https://www.braford.org.ar/> Consulta: 27/03/2016
- BEJARANO D, PEDRAZA A, ROCHA JFM, MARTÍNEZ R. 2012. Variabilidad genética en subpoblaciones comerciales de la raza criolla colombiana Romosinuano. Revista Corpoica [Internet]. Disponible en: <http://www.corpoica.org.co/sitioweb/Archivos/Revista/RevistaCientificaCorpoica-Capitulo12.pdf>. Consulta: 13/06/2016
- BOICHARD, D., MAIGNEL, L., VERRIER, E., 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genet. Sel. Evol. 29, 5-23.
- BURROW, H.M, (1993). The Effects of Inbreeding in Beef Cattle, Animal Breeding Abstracts Vol. 61 No. 11
- CABRERA, J. 2013. Trazabilidad en el ganado bovino. Disponible en: <http://www.agrocampus.org/index.php/cursos/16-trazabilidad-bovina>: Consulta: 13/11/2015
- CANTET, J.C. Y MUNILLA, S. 2016, Consanguinidad: Durmiendo con el enemigo. Disponible en: [http://www.agronoa.com.ar/noticias\\_desc.php?id=22232&catid=2](http://www.agronoa.com.ar/noticias_desc.php?id=22232&catid=2) Consulta: 02/03/2017  
Consulta: 23 de mayo 2018
- DOMÍNGUEZ-VIVEROS J., RODRÍGUEZ-ALMEIDA F.L., ORTEGA-GUTIÉRREZ J.A. Y SANTELLANO-ESTRADA E. 2012 Análisis de la información genealógica y estimación de parámetros de poblaciones en Bovinos de Lidia y Equinos de Pura Raza Española de México. Revista Científica, FCV-LUZ / Vol. XXII, N° 5, 443 - 450, 2012
- DOMÍNGUEZ-VIVEROS, M., MENDOZA-DOMÍNGUEZ Y EDUARDO MARTÍNEZ-CUEVAS, 2006. niveles y efectos de la consanguinidad en variables de crecimiento y reproductivas en bovinos tropicarne y suizo europeo. Agrobiencia 40: 289-301. 2006.
- FALCONER, D.S., MACKAY T.F.C. 2001 Introducción a la genética cuantitativa. Ed. Acribia.
- FERNÁNDEZ M 2005. Rev. Angus, Bs. As., 229:120-122. [www.produccion-animal.com.ar](http://www.produccion-animal.com.ar).  
Consanguinidad en bovinos, lo que necesita saber.
- GARCIA DORADO, A. 2010 Consecuencia de la selección sobre la depresión consanguínea. XV Reunión Nacional de Mejora Genética Animal Vigo, 16 -18 de Junio.
- Goyache F, Gutiérrez JP, Fernández I, Gómez E, Álvarez I, Díez J, Royo LJ, 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. J. Anim. Breed. Genet. 120: 95-103.
- GOYACHE, F.; FERNÁNDEZ, M.A.; ESPINOSA, L.; PAYERAS, L.; PÉREZ-PARDAL, J.P.; GUTIÉRREZ, L.J. ROYO, I. ÁLVAREZ, 2010 Análisis demográfico y genético de la raza ovina Mallorquina Vol. 106 (1), 3-14 3
- GUTIÉRREZ J., GOYACHE F. 2005 A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. J. Anim. Breed. Genet. 122:172-176.

- Gutiérrez JP, Altarriba J, Díaz C, Quintanilla R, Cañón J, Piedrafita J, 2003. Genetic analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* 45: 43-63.
- KINGHORN B. P. 2011 An algorithm for efficient constrained mate selection. *Genetic Selection Evolution.* 43:4.
- MACOR, L. 2013 Evaluación de la variabilidad genética mediante el número efectivo en Braford Argentino Tesis de Master, <https://riunet.upv.es/bitstream/handle/10251/37144/TESIS%20MACOR%20LAURA.pdf?sequence=1>
- MAIGNEL, L., BOICHARD, D., VERRIER, E. (1996). Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bull*, (14), 49.
- McMANUS, C., COBUCCI, J., BRACCINI NETO, J., PAIVA, S. 2011 Decision making in animal breeding programs and their consequences for animal production. *Rev. Bras. Reprod. Anim.*, Belo Horizonte, v.35, 2: 69-76.
- MOLINUEVO, H. 2005. Genética bovina y producción en pastoreo. Pág. 84, Ed. INTA.
- MONTALDO, H. Y BARRIA, N. 1998, Mejoramiento genético en animales. *Ciencia al día* © Septiembre 1998, Vol. 1, No. 2.
- MORALES GAVARRETE, D. PEREZ DELGADO, B.A. y RAÚL BOTERO, R. 2009. Parámetros productivos y reproductivos de importancia económica en ganadería bovina tropical. <http://www.engormix.com/MA-ganaderia-carne/genetica/articulos/parametros-productivos-reproductivos-importancia-t2278/103-p0.htm> Consulta: 14/07/2016
- NAVAJAS, E.A. 1996. Consanguinidad y depresión endogámica. NAVAJAS, E.A. 1996. Consanguinidad y depresión endogámica. Material de apoyo al Curso de Zootecnia. Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay
- PACIFICO, C. GIL, F. Santángelo, F. Bernardino, M. Sáez, A , Dana, G y Juan Manuel Ponte, J.M. 2011. La recomposición de la ganadería vacuna argentina. Una visión por regiones. <http://www.publitem.com/contenido/objetos/Larecomposicindelaganaderavacunaargentina.pdf> Consulta: 14/07/2016
- REARTE, D. 2007. Situación de la ganadería argentina en el contexto mundial. INTA.
- RODRÍGUEZ, M., & GUERRA, D. (2009). ESTUDIO DE CONSANGUINIDAD EN EL VACUNO CRIOLLO DE CUBA. *CIENCIA Y TECNOLOGIA GANADERA (CUBA)*. (MAY-AGO, 3(2), 69-72
- RUÍZ-FLORES A, NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ R. , RAMÍREZ-VALVERDE R., JOEL
- RUÍZ-FLORES A., NÚÑEZ-DOMÍNGUEZ R., RAMÍREZ-VALVERDE R., DOMÍNGUEZ-VIVEROS, J. MENDOZA-DOMÍNGUEZ, M Y MARTÍNEZ-CUEVAS, E. 2006 Niveles y efectos de la consanguinidad en variables de crecimiento y reproductivas en bovinos Tropicarne y Suizo Europeo. *Agrociencia* 40: 3.

SALLY L. NORTHCUTT, DAVID S. BUCHANAN, ARCHIE C CLUTTER. Oklahoma Cooperative Extension Service. Inbreeding in Cattle. Oklahoma Cooperative Extension Fact Sheets are also available on our website at: <http://osufacts.okstate.edu>

SCHINDLER, V.E., BIRCHMEIER, A.N. y LICHTSCHEIN, M. 2008. Efecto de la consanguinidad sobre la circunferencia scrotal en un rodeo Hereford. Revista argentina de producción animal, Vol 28, Supl. 1: 113-142.

SOLARTE-PORTILLA C E, C Y ROSERO, J M ERASO, G L ZAMBRANO, H CÁRDENAS Y W O BURGOS (2009) Frecuencias alélicas del gen Kappa caseína en la raza Holstein del trópico alto de Nariño – Colombia. en: Livestock Research for Rural Development 21

TURTON, J.D. 1974. The collection storage and dissemination of information on breeds of livestock. En: Proceeding 1st World Congress on Genetic and Applied Livestock Production. Vol II: 61-74. Madrid.

VERDE, O. (2016). CONSANGUINIDAD Y SU EFECTO SOBRE CARACTERES DE CRECIMIENTO EN CINCO REBAÑOS DE GANADO BRAHMAN REGISTRADO EN VENEZUELA. REVISTA DE LA FACULTAD DE CIENCIAS VETERINARIAS 57(2), 78-84.

VILELA VELARDE, J.L. 2015. Mejoramiento genético en animales domésticos. Editorial MACRO.ISBN. 9786123042059