



**Análisis de la diversidad genética de la raza bovina Charolais, mediante el uso de información genealógica de la asociación de criadores Charolais del Ecuador.**

Gissela K. Zurita Naveda<sup>1</sup>  
lblg2017133@uea.edu.ec

Danilo P. Sarabia Guevara. M.Sc. <sup>2</sup>  
dsarabiag@uea.edu.ec

**Universidad Estatal Amazónica, Facultad de Ciencias de la Vida, Carrera  
de Biología (1)**

***Resumen***

El objetivo de esta investigación fue analizar la diversidad genética de la raza bovina Charolais, mediante el uso de información genealógica de la asociación de criadores Charolais del Ecuador.

Los análisis se realizaron con base en los registros genealógicos proporcionados por la Asociación Charolais del Ecuador, en el que se encuentran registrados 4432 individuos. Los datos y la información genealógica se recopilaron durante el periodo de 2016 a 2021.

La estructura del pedigrí de la raza Charolais se analizó en el contexto del programa CFC (Coancestry, inbreeding (F) and Contribution). Un total de 155 individuos eran endogámicos. La consanguinidad promedio en la población de Charolais fue de 0,000846009, mientras que la consanguinidad promedio de los animales endogámicos fue de 0,0241904. El camino ancestral más largo (LAP) constaba de 10 generaciones (cuarenta y nueve animales) mientras que para un grupo de 1603 animales no registraron caminos ancestrales. Esta investigación resaltó la buena variabilidad genética de esta raza lo cual se debe al eficiente manejo de los criadores que en el pasado introdujeron algunos sementales del exterior. Resulta necesario crear programas de mejoramiento genético aprovechando los bajos niveles de consanguinidad que se registraron en esta raza.

***Palabras Clave:*** Análisis de Consanguinidad, diversidad genética, Charolais, Ecuador.

## ***Abstract***

The objective of this research was to analyze the genetic diversity of the Charolais bovine breed, through the use of genealogical information from the Charolais breeders association of Ecuador.

The analyzes were carried out based on the genealogical records provided by the Charolais Association of Ecuador, in which 4432 individuals are registered. Genealogical data and information were collected during the period from 2016 to 2021.

The pedigree structure of the Charolais breed was analyzed in the context of the CFC program (Coancestry, inbreeding (F) and Contribution). A total of 155 individuals were inbred. The average inbreeding in the Charolais population was 0.000846009, while the average inbreeding of the inbred animals was 0.0241904. The longest ancestral path (LAP) consisted of 10 generations (49 animals) while for a group of 1603 animals no ancestral paths were recorded. This research highlighted the good modified genetics of this breed, which is due to the efficient management of breeders who in the past introduced some stallions from abroad. It is necessary to create genetic improvement programs taking advantage of the low levels of consanguinity that were registered in this breed.

***Keywords:*** Inbreeding analysis, genetic diversity, Charolais, Ecuador.

## **1. INTRODUCCIÓN**

La consanguinidad o endogamia es la relación de sangre que tiene un individuo con otro cuando están emparentados entre sí, es decir, que tienen ancestros en común. Cuanto más cercanos sean dos animales, la consanguinidad será mayor, debido a que pueden compartir más características heredadas de dichos ancestros. (Piñeira et al., 2015).

Los incrementos en la consanguinidad se producen por varias razones, entre estas: la intensa selección direccional de numerosas generaciones, además, el uso de tecnologías avanzadas contribuye a incrementar la variación del éxito reproductivo.(Howard et al., 2017).

Por otro lado, se señala los efectos de la endogamia entre los que se encuentra la disminución de heterocigosidad e incremento la frecuencia de genes deletéreos recesivos, que producen desórdenes genéticos o afectaciones negativas a la



**UNIVERSIDAD ESTATAL AMAZÓNICA**  
**FACULTAD DE CIENCIAS DE CIENCIAS DE LA VIDA**  
**Trabajo de Integración Curricular**

---

supervivencia, reproducción o aptitud funcional general de los animales. (Piñeira et al., 2015).

En el Ecuador, según el (Instituto nacional de estadísticas y censos, 2020) existen 4.306.244 bovinos de los cuales 370.190 se encuentran en la región Amazónica. Las provincias de Morona Santiago y Sucumbíos tienen una existencia de 30 y 28% respectivamente del total de la región amazónica. En la provincia de Morona Santiago se producen las razas Brown Swiss (9%), Brahman o cebú (<1%), Holstein Friesian (2%), Jersey (3%), Mestizos (37%), Criollos (5%) y otras razas (44%) (Instituto nacional de estadísticas y censos, 2020). Dentro de otras razas se encuentra la raza Charolais tanto en cría como animales puros y mestizos.

En la actualidad la Asociación de Criadores Charolais del Ecuador cuenta con el registro de más de 4000 animales y realiza la gestión oficial de los registros genealógicos otorgada por el Ministerio de agricultura y ganadería en el año 2020. Con los antecedentes antes mencionados se planteado como objetivo principal, analizar la diversidad genética de la raza bovina Charolais, mediante el uso de información genealógica de la asociación de criadores Charolais del Ecuador. Además, resulta importante estimar los niveles de consanguinidad individual y de la población de raza Charolais mediante el uso del programa informático CFC. El conocimiento de la consanguinidad permitirá determinar cuáles son los efectos de la misma en los parámetros productivos. Además, los parámetros de diversidad genética, y número de fundadores de la población, permitirán diseñar de manera objetiva un plan integral de mejoramiento genético de la raza en la zona de Morona Santiago. (Ministerio de Agricultura y Ganadería, 2020). En el Ecuador no existen, ni se han desarrollado estudios de análisis pedigrí de la raza Charolais, así como tampoco de otras razas. El desconocimiento por parte de los productores de la diversidad genética y consanguinidad de los animales dentro de sus hatos pueden causar en un futuro cercano problemas productivos (incremento de genes indeseables) así como una acelerada pérdida de diversidad genética en un corto tiempo.

## **2. MATERIALES Y MÉTODOS/METODOLOGÍA**

Los datos fueron proporcionados por la Asociación de criadores Charolais del Ecuador, mediante la información almacenada en el programa INTERTRACE. Entre la información descargada del programa INTERTRACE se encuentra: Código, nombre y

número del ejemplar, registro, sexo, fecha de nacimiento, padre, registro del padre, ID del padre, registro de la madre, ID de la madre, hacienda en la que se encuentra el animal, criador, propietario, número de registro, marca, arete nacional, estado (activo e inactivo), entre otros parámetros.

Se verificaron los registros para asegurar que los padres solo aparecieran como padres, pero no como madres, que las fechas de nacimiento sean las correctas. Después de verificar los datos, el conjunto de datos final utilizado en el presente estudio contenía 4432 registros genealógicos de animales registrados desde 2016 a 2021.

La base de datos requerida fue facilitada por la Asociación de criadores Charolais del Ecuador, de la cual se obtuvo 4230 registros de individuos nacidos entre 1951 a 2021. Para el análisis de pedigrí se consideraron todos los individuos registrados y validados.

Dentro de un archivo de tipo Excel, se ingresó la identificación del individuo, la identificación del padre y la identificación de la madre, bajo las etiquetas de Progeny, Sire y Dam respectivamente.

En el caso de los individuos que no presentaron un progenitor registrado se designó una codificación de cero, para indicar que se desconoce su progenitor o progenitores.

Para el cálculo del coeficiente de consanguinidad promedio y el número efectivo de genomas fundadores, no fundadores y fundadores se utilizó el programa informático CFC (Sargolzaei et al., 2006).

### **3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

En la Tabla 1 se muestra la estructura del pedigrí. Un total de 4432 individuos se evaluaron, de los cuales se obtuvo un total de 155 animales consanguíneos, el número total de padres fue de 394 con 2805 descendientes y 1426 hembras con 2.668 descendientes. Se registró un total de 1820 individuos con descendencia y 2612 individuos sin descendencia.

El análisis de la población mostró que 1603 de todos los animales son fundadores. El grupo de fundadores comprendía 1561 descendientes de 58 padres y 967 madres. Además, se evidenció que 578 individuos no presentan descendencia.

Por otro lado, el grupo de no fundadores está representado por un total de 2829 individuos, lo que porcentualmente se representa con el 64% del total del pedigrí. Este grupo comprendía 336 padres y 459 madres. Tanto padres como madres presentan 2740



# UNIVERSIDAD ESTATAL AMAZÓNICA

## FACULTAD DE CIENCIAS DE CIENCIAS DE LA VIDA

### Trabajo de Integración Curricular

y 1114 descendientes, respectivamente. Además, existen 161 individuos solo con padre conocido, 24 individuos solo con madre conocida y 2644 con padre y madre conocidos.

En el análisis de los grupos de hermanos completos se obtuvo un valor de 331, con un promedio de tamaño de familia de 2.592 con un valor máximo de 11 y mínimo de 2.

**Tabla 1: Estructura del pedigrí de la raza Charolais del Ecuador**

<b>Breve estructura del pedigrí</b>	
<b>Estructura del pedigrí</b>	<b>Número</b>
Individuos en total	4432
Consanguíneos en total	155
Individuos evaluados	4432
Consanguíneos evaluados	155
Machos en total	394
- Progenie	2805
Hembras en total	1426
- Descendencia	2668
Individuos con descendencia	1820
Individuos sin descendencia	2612
Fundadores	1603
-Descendencia	1561
-Padre	58
-Descendencia	65
-Madre	967
-Descendencia	1554
-Sin descendencia	578
No fundadores	2829
-Padre	336
-Descendencia	2740
-Madre	459
-Descendencia	1114
-Solo con padre conocido	161
-Solo con madre conocida	24
-Con padre y madre conocidos	2644
Grupos de hermanos completos	331
-Tamaño promedio de la familia	2.59214
-Máximo	11
-Mínimo	2

En cuanto a la consanguinidad, el coeficiente de endogamia promedio fue de 0,000846009. Se evidenció un máximo y mínimo de coeficientes de consanguinidad de 0,25 y 0,000488281 respectivamente y un coeficiente de consanguinidad promedio en los consanguíneos de 0,0241904.

En la Tabla 2 se presenta la distribución de los coeficientes de consanguinidad de la población de estudio.

De los 155 individuos consanguíneos un total de 143 (92,25%) individuos se encuentran en un rango de consanguinidad entre 0 y 0,05, 1 (0,65%) individuo entre 0,05 y 0,10, 4 (2,58%) individuos entre 0,10 y 0,15 y 7 (4,52%) individuos entre 0,20 y 0,25.

**Tabla 2: Distribución de los coeficientes de consanguinidad de la raza Charolais del Ecuador**

<b>Distribución de los coeficientes de consanguinidad</b>			
<b>Coeficiente de consanguinidad (%)</b>	<b>Número de individuos</b>	<b>Porcentaje de individuos</b>	
0,00 < F <= 0,05	143	92,25%	
0,05 < F <= 0,10	1	0,65%	
0,10 < F <= 0,15	4	2,58%	
0,15 < F <= 0,20	0	0%	
0,20 < F <= 0,25	7	4,52%	
0,25 < F <= 0,30	0	0%	
0,30 < F <= 0,35	0	0%	
0,35 < F <= 0,40	0	0%	
0,40 < F <= 0,45	0	0%	
0,45 < F <= 0,50	0	0%	
0,50 < F <= 0,55	0	0%	
0,55 < F <= 0,60	0	0%	
0,60 < F <= 0,65	0	0%	
0,65 < F <= 0,70	0	0%	
0,70 < F <= 0,75	0	0%	
0,75 < F <= 0,80	0	0%	
0,80 < F <= 0,85	0	0%	
0,85 < F <= 0,90	0	0%	
0,90 < F <= 0,95	0	0%	
0,95 < F <= 1,00	0	0%	
<b>Total</b>	<b>155</b>	<b>100%</b>	



# UNIVERSIDAD ESTATAL AMAZÓNICA

## FACULTAD DE CIENCIAS DE CIENCIAS DE LA VIDA

### Trabajo de Integración Curricular

La tabla 3 indica el camino ancestral más largo (LAP) para la población Charolais. No se determinaron caminos ancestrales para el grupo de fundadores (1 603 animales). El conjunto de datos fundamentado en el camino ancestral más largo (LAP) utilizado en el estudio estaba conformado por 10 generaciones (cuarenta y nueve animales), mientras que 1062 animales tenían un LAP que comprendía 7 a 9 generaciones.

**Tabla 3: Camino ancestral más largo en la población Charolais del Ecuador**

<b>Camino ancestral más largo (LAP):</b>	<b>Número de individuos</b>	<b>Porcentaje</b>
<b>0</b>	1603	36,17
<b>1</b>	85	1,92
<b>2</b>	64	1,44
<b>3</b>	384	8,66
<b>4</b>	386	8,71
<b>5</b>	433	9,77
<b>6</b>	366	8,26
<b>7</b>	559	12,61
<b>8</b>	362	8,17
<b>9</b>	141	3,18
<b>10</b>	49	1,11
<b>Total</b>	4432	100,00

Este es el primer estudio de la raza Charolais realizado en Ecuador, no se tiene antecedentes de estudios similares.

Sin embargo, en otros países se ha buscado estudiar y analizar la diversidad genética de sus razas bovinas. En Polonia, se investigó la estructura poblacional y nivel de consanguinidad de la población de Ganado Rojo Polaco (Jarnecka et al., 2021).

En este grupo poblacional a diferencia del grupo de ganado Charolais de Ecuador, se analizaron 9170 animales.

En el ganado Polaco se evidenció un promedio de consanguinidad del 4 % existiendo un 23,8% de individuos consanguíneos, por otro lado, en el ganado Charolais el porcentaje de individuos consanguíneos es bajo con un 3,49%.

Otro aspecto importante en estas investigaciones es la determinación de caminos ancestrales. En Charolais, como anteriormente se menciona, el camino ancestral más largo está conformado por 10 generaciones (49 animales) y en el ganado Polaco el

número de generaciones asciende a 12 (3 animales). Considerando esta información la república China tiene la necesidad de mejorar las decisiones en lo concerniente a la selección y apareamiento de sus animales, para lograr un mejor manejo del tamaño efectivo de la población.

#### 4. CONCLUSIONES

El análisis de pedigrí de la raza de ganado Charolais mostró que el coeficiente de endogamia promedio para el ganado de estudio fue de 0,000846009, y el coeficiente de consanguinidad promedio en los consanguíneos de 0,0241904, lo cual es bastante bajo. Un incremento importante en el nivel de consanguinidad podría deberse a elevados porcentajes de apareamiento descontrolado entre las vacas y los toros importados.

El 96,5% del total de individuos de la raza Charolais analizados son no consanguíneos, y solo un 3,49% son consanguíneos. Este resultado puede deberse a que la población evaluada y registrada en la Asociación Charolais del Ecuador es relativamente nueva.

Los niveles de consanguinidad más elevados están entre un rango de 0,20 a 0,25 que podría deberse a errores ocasionados por los ganaderos y su desconocimiento en pedigrís.

#### REFERENCIAS

- Ajmone-Marsan, P., Garcia, J. F., & Lenstra, J. A. (2010). On the origin of cattle: How aurochs became cattle and colonized the world. *Evolutionary Anthropology*, 19(4), 148–157. <https://doi.org/10.1002/evan.20267>
- Ammerman, A. J., & Cavalli, L. (1984). *The Neolithic Transition and the Genetics of Populations in Europe* (P. de la U. de Princeton (ed.)). [https://books.google.com.ec/books?hl=es&lr=&id=FaX\\_AwAAQBAJ&oi=fnd&pg=PP1&dq=the+neolithic+transition+and+the+genetics+of+populations+in+Europe&ots=tEgyv9QuJH&sig=QGcNO8YGGHwYoq2yIUrBeFJQ1y4#v=onepage&q=the+neolithic+transition+and+the+genetics+of+populat](https://books.google.com.ec/books?hl=es&lr=&id=FaX_AwAAQBAJ&oi=fnd&pg=PP1&dq=the+neolithic+transition+and+the+genetics+of+populations+in+Europe&ots=tEgyv9QuJH&sig=QGcNO8YGGHwYoq2yIUrBeFJQ1y4#v=onepage&q=the+neolithic+transition+and+the+genetics+of+populat)
- AsoCharolais - Charbray. (2017). Catálogo Toros Charolais 2017. *Asociación Colombiana de Criadores de Ganado Charolaise, Charbray y Sus Cruces*, 106. <http://asocharolaise-charbray.com/wp-content/uploads/2017/04/catalogo-toros-asocharolais-2017-2.pdf>
- Bavera, G. A. (1864). *Razas bovinas continentales*. 131–162. <http://www.produccion-animal.com.ar/>
- Bavera, G. A. (2011). Clasificación de las razas bovinas y bufalinas; cruzamientos. *Razas Bovinas y Bufalinas de La Argentina*, 75–88.



# UNIVERSIDAD ESTATAL AMAZÓNICA

## FACULTAD DE CIENCIAS DE CIENCIAS DE LA VIDA

### Trabajo de Integración Curricular

- Benjumea Marín, M. L., Cristancho, F., & Restrepo, P. A. (2010). *Coeficiente de consanguinidad del ganado senepol en Colombia*. 1–14. [http://asosenepolcolombia.com/portal2/wp-content/archivos/CONSANGUINIDAD\\_DEL\\_GANADO\\_SENEPOL\\_EN\\_COLOMBIA-Mary-FAC-PAR2608101.pdf](http://asosenepolcolombia.com/portal2/wp-content/archivos/CONSANGUINIDAD_DEL_GANADO_SENEPOL_EN_COLOMBIA-Mary-FAC-PAR2608101.pdf)
- Castro, Á. (2002). *Ganadería de carne: gestión empresarial* (EUNED (ed.)). [https://books.google.com.ec/books?id=uTNhADkmP7UC&printsec=frontcover&hl=es&source=gbs\\_ge\\_summary\\_r&cad=0#v=onepage&q&f=false](https://books.google.com.ec/books?id=uTNhADkmP7UC&printsec=frontcover&hl=es&source=gbs_ge_summary_r&cad=0#v=onepage&q&f=false)
- Fernández, M. (2005). Consanguinidad En Bovinos, Lo Que Necesita Saber. *Revista Angus*, 120–122. [http://www.produccion-animal.com.ar/genetica\\_seleccion\\_cruzamientos/bovinos\\_en\\_general/70-consanguinidad.pdf](http://www.produccion-animal.com.ar/genetica_seleccion_cruzamientos/bovinos_en_general/70-consanguinidad.pdf)
- Flores, R., Domínguez, N., Valverde, R., Viveros, D., Domínguez, M., & Cuevas, M. (2006). Niveles y efectos de la consanguinidad en variables de crecimiento y reproductivas en bovinos tropicarne y suizo europeo. *Agrociencia*, 40, 289–301. <https://www.redalyc.org/pdf/302/30240302.pdf>
- Florio, J. (2005). Consanguinidad en la ganadería bovina. *Manual de Ganadería Doble Propósito*, 129–134. [http://www.avpa.ula.ve/docuPDFs/libros\\_online/manual-ganaderia/seccion2/articulo10-s2.pdf](http://www.avpa.ula.ve/docuPDFs/libros_online/manual-ganaderia/seccion2/articulo10-s2.pdf)
- Gutiérrez, J. P., Cervantes, I., Molina, A., Valera, M., & Goyache, F. (2008). Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. *Genetics Selection Evolution*, 40(4), 359–378. <https://doi.org/10.1051/gse:2008008>
- Herd Book. (2018). *Las características de la raza Charolais*. <https://charolaise.fr/la-charolaise/les-caracteristiques-de-la-race-charolaise/>
- Howard, J. T., Pryce, J. E., Baes, C., & Maltecca, C. (2017). Invited review: Inbreeding in the genomics era: Inbreeding, inbreeding depression, and management of genomic variability. *Journal of Dairy Science*, 100(8), 6009–6024. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-12787>
- Jarnecka, O., Bauer, E. A., & Jagusiak, W. (2021). Pedigree analysis in the Polish Red cattle population. *Animal*, 15(6), 100238. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100238>
- Legarra, A., Christensen, O. F., Vitezica, Z. G., Aguilar, I., & Misztal, I. (2015). Ancestral relationships using metafounders: Finite ancestral populations and across population relationships. *Genetics*, 200(2), 455–468. <https://doi.org/10.1534/genetics.115.177014>
- Libro genealógico Charolais Agropôle du Maraich. (2019). *Historia de la raza Charolais*. <https://charolaise.fr/la-charolaise/histoire-de-la-race-charolaise/>
- Oldenbroek, K. (2017). *Genomic management of animal genetic diversity edited by: Kor Oldenbroek*. Wageningen Academic Publishers.
- Piñeira, J., Tapia, M., Gebauer, F., & Tamel Aike, I. (2015). ¿Qué es la consanguinidad? *Inia*, 4. <https://biblioteca.inia.cl/bitstream/handle/123456789/5005/NR41871.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Redacción. (2010). Razas bovinas foráneas en la producción de carne. *Cria y Salud Bovina*, 58–60. [http://axonveterinaria.net/web\\_axoncomunicacion/criaysalud/19/cys\\_19\\_razas\\_bovinas\\_foraneas.pdf](http://axonveterinaria.net/web_axoncomunicacion/criaysalud/19/cys_19_razas_bovinas_foraneas.pdf)
- Ruiz, B. (2009). “Efectos De La Consanguinidad En La Producción Y Reproducción El Establo Montegrando De La Cuenca Lechera De Lima”. 1–51. <http://repositorio.lamolina.edu.pe/bitstream/handle/UNALM/3563/huanca-bizarro->

antoni-fernando.pdf?sequence=1&isAllowed=y

- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., & Colleau, J. J. (2006). CFC: A tool for monitoring genetic diversity. *Proc. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., CD-ROM Communication*, 27–28, 13–18.
- Sheikhlou, M., & Abbasi, M. A. (2016). Genetic diversity of Iranian Lori-Bakhtiari sheep assessed by pedigree analysis. *Small Ruminant Research*, 141(December), 99–105. <https://doi.org/10.1016/j.smallrumres.2016.07.009>
- Spike, P. (2009). Applied Animal Breeding. Laboratory Manual. *Animal Science Department. Iowa State University*, 268.
- Vilela, J. (2012). Consanguinidad y su importancia en el mejoramiento genético de la alpaca. *Sirivs*. [http://veterinaria.unmsm.edu.pe/files/Articulo\\_vilela\\_velarde.pdf](http://veterinaria.unmsm.edu.pe/files/Articulo_vilela_velarde.pdf)



## ANEXOS

### 1. FUNDAMENTACIÓN TEÓRICA

#### 1.1. Capítulo I: Razas bovinas

##### 1.1.1. Historia del ganado bovino

Estudios paleontológicos realizados con el fin de reconstruir la historia de la ganadería y basándose en representaciones pictóricas, hallazgos arqueológicos e investigaciones de genética molecular, han determinado que los bovinos taurinos (*Bos taurus*) y cebú (*Bos indicus*) descienden del buey salvaje extinto o uros (*Bos primigenius*). El *Bos primigenius*, durante el Pleistoceno y el Holoceno, se extendió desde las costas del Atlántico hasta el Pacífico y desde la tundra norte a la India y África (Ajmone-Marsan et al., 2010).

Las primeras evidencias de domesticación se dieron en el valle medio del río Éufrates en el período Neolítico y en el valle alto del río Tigris hace alrededor de 10.300 - 10.800 años. Luego, hace 8.800 años el ganado domesticado apareció en el occidente de Anatolia y el sudeste de Europa, en el sur de Italia hace 8.500 años y en Europa central hace 8.000 años, como resultado de la creciente importancia económica del ganado vacuno para la producción de carne y leche (Ammerman & Cavalli, 1984).

Este ganado fue partícipe de las migraciones humanas, lo que provocó la dispersión del ganado doméstico de origen taurino, indicino o mixto por Asia, África, Europa y el Nuevo Mundo. Estos procesos migratorios contribuyeron a la adaptación a diferentes ambientes además de una considerable variación en apariencia y rendimiento (Ajmone-Marsan et al., 2010).

Conocer la historia del ganado bovino nos permite entender de donde surgen cada una de las diferentes razas que existen en la actualidad, y como estas se han ido distribuyendo y adaptando a las diferentes condiciones ambientales del mundo.

##### 1.1.2. Razas de ganado bovino

Dentro del género *Bos* se han identificado dos especies, los taurinos (*Bos taurus taurus*) de origen europeo, y los cebúes (*Bos taurus indicus*) provenientes de la India que comprende bovinos de gran tamaño que presentan cuernos en ambos sexos. Dentro

de cada una de estas especies se han desarrollado razas especializadas. En el caso de *Bos taurus* algunas de las razas más representativas son: brahman, gyr, guzerá, nelore, indubrasil. Por otro lado, de *Bos indicus* se han desarrollado las siguientes razas: angus, hereford, devon, red poll, shorthorn, marchigiana, charolais, simmental, limousin, braunvieh (suizo de carne) piemontesa, blond, bonsmara, caracú, senepol, belmont red, romosinuano, tuli (Bavera, 2011).

### 1.1.3. Razas cárnicas taurinas

La conformación básica del ganado vacuno contribuye a determinar la proporción de los distintos componentes que integran el peso total. En el ganado de razas con huesos cortos y finos, con músculos gruesos, espalda ancha y larga con grupa cuadrada, se da mayor cantidad de carne y mejor proporción de la misma con respecto al ganado con patas largas, cuerpo estrecho, costados aplanados y grupa angosta (Castro, 2002).

Entre las razas bovinas de carne destacan: charolais, hereford, Angus, simmental, chianina, belga azul, limousin, nelore, guzerat, brahman, santa gertrudis, brangus, braford e indobrasil (Castro, 2002).

### 1.1.4. Raza charolais

#### 1.1.4.1. Origen

El origen de la raza charolais aún es motivo de cuestionamientos, sin embargo, la literatura indica que la raza charolais fue de los primeros ganados blancos distribuidos en la región del centro de Francia vistos ya en 878 D.C siglo IX. (Libro genealógico charolais Agropôle du Maraude, 2019). Esta raza ha sido difundida en los cinco continentes y en más de 70 países, en regiones de clima tropical, subtropical, templado, frío y árido, gracias a su gran poder de adaptación, precocidad, rusticidad, robustez y propensión a ganar peso a cualquier edad, características dadas cuidadosamente por la selección natural (AsoCharolais - Charbray, 2017).

#### 1.1.4.2. Características de la raza charolais

Los animales de raza charolais tienen las siguientes características: Piel de mediano espesor, suave, flexible. Sus mucosas son rosadas, de un solo color uniforme, sin manchas, mientras que el pelo es corto, de color blanco o blanco crema, sin manchas o lunares. En el campo toman un tinte blanco pajizo. Es un animal alto y largo con buen



**UNIVERSIDAD ESTATAL AMAZÓNICA**  
**FACULTAD DE CIENCIAS DE CIENCIAS DE LA VIDA**  
**Trabajo de Integración Curricular**

---

despegue del suelo, cuerpo voluminoso y cilíndrico, convexilíneo, con nalga convexa, masas musculares bien desarrolladas, pero no exageradamente marcadas, sin delimitaciones muy marcadas entre músculos. Carne magra con veteado. Hay una variedad astada y una mocha. La astada tiene cuernos medianos, curvados hacia adelante (Bavera, 1864).

1.1.4.3. Fortalezas de la raza

1.1.4.3.1. Calidad de la carne

Los principales activos de la raza charolais han asegurado su reputación en todo el mundo durante muchas décadas. Actualmente, la raza charolais es mundialmente reconocido por el agradable sabor de su carne, su textura y marmoleado. Además, sus criadores consideran a esta raza como una raza rentable, que brinda carne de excelente calidad para la venta por lo tanto permite satisfacer sus expectativas. (Herd Book, 2018)

La selección genética proporciona soluciones para:

- Disminuir el tiempo de tratamiento dedicado a los animales.
- Optimizar los costes de producción, considerando la calidad de la carne producida

1.1.4.3.2. Rendimiento de la raza charolais

Las características más destacables de la raza charolais son su fortaleza velocidad de crecimiento, su índice de transformación, gran conformación y magnifico rendimiento a la canal. En los individuos charolais es necesario resaltar el grado de desarrollo de los cuartos traseros (83,70 Kg) y el gran espesor de la nalga (29,6 cm). En cuanto a la calidad de su carne, esta es de excelente calidad, conteniendo una aceptable proporción de grasa intramuscular y una grasa superficial muy escasa, lo que hace que proporcione unos elevados rendimientos a la canal (Redacción, 2010).

Su creciente empleo en explotaciones intensivas destaca el excelente rendimiento de las vacas al adaptarse a diferentes condiciones ambientales con gran facilidad. Por otro lado, los toros son muy utilizados para realizar cruzamientos y mejorar los ganados.

**Tabla 4: Referencias en reproducción, crecimiento, otras cualidades de la raza charolais**

<b>Reproducción</b>		
Fertilidad	100%	
Media de edad primer parto	35.4 meses	
% de partos gemelos	4%	
Productividad digital	95%	
Nacimientos sin ayuda	93%	
<b>Crecimiento</b>		
	hembra	macho
Peso al nacer	45 Kg	48 Kg
Peso a los 120 días:	166Kg	177Kg
Peso a los 210 días:	264Kg	295Kg
<b>Cualidades de matanza</b>		
Vaca media en peso de canal	438 Kg	
Rendimiento de la carcasa	52%	
Relación de peso de los músculos / peso de la carcasa	68%	
Bajo contenido de grasa (relación músculo / grasa)	11%	
Finura esquelética (relación músculo / hueso)	16%	
Baja cantidad de desechos (relación músculo / residuo)	5%	

Fuente: Herd Book France (2018). Las características de la raza Charolais.2018

Realizado por: Gissela Zurita

## 1.2. Capítulo II: Consanguinidad y diversidad genética

### 1.2.1. Consanguinidad

La consanguinidad o endogamia es la relación de sangre que tiene un individuo con otro cuando están emparentados entre sí, es decir, que tienen ancestros en común. Cuanto más cercanos sean dos animales, la consanguinidad será mayor, debido a que



**UNIVERSIDAD ESTATAL AMAZÓNICA**  
**FACULTAD DE CIENCIAS DE CIENCIAS DE LA VIDA**  
**Trabajo de Integración Curricular**

---

pueden compartir más características heredadas de dichos ancestros. La Endogamia produce la disminución de la frecuencia de individuos heterocigotos e incrementa la frecuencia de genes deletéreos recesivos, produciendo desórdenes genéticos o afectaciones negativas a la supervivencia, reproducción o aptitud funcional general de los animales (Piñeira et al., 2015).

La consanguinidad puede ser beneficiosa ya que permite producir individuos superiores ya que brinda genes homocigotos deseables. Sin embargo, existe el riesgo de que ocurra una depresión por consanguinidad o que se junten genes recesivos indeseables. En esta estrategia la pérdida resultante puede ser elevada, pues como esta clase de genes indeseables se expresa en la descendencia, en ésta habrá que aplicar un alto descarte (Fernández, 2005).

La consanguinidad puede clasificarse en dos tipos: por un lado, existe la consanguinidad estrecha, resultado del apareamiento de hermano con hermana, padre con hija o hijo con madre y, por otro lado, la consanguinidad familiar que ocurre cuando hay apareamiento entre individuos que no tienen parentesco directo, como, por ejemplo: medios hermanos, primos, tíos con sobrinos, abuelos con nietos, entre otros

#### 1.2.1.1. Ventajas y desventajas de la consanguinidad

La consanguinidad según expertos puede ser tanto beneficiosa como perjudicial en las poblaciones de estudio, por lo tanto es importante conocer exactamente cómo, cuándo y hasta donde utilizarla o permitirla (Benjumea Marín et al., 2010).

Entre sus beneficios destacan:

- a) La fijación de caracteres deseables. Bajo este principio se han desarrollado razas de bovinos sintéticas o compuestas (razas producidas por el hombre como la raza senepol, brangus, santa gertrudis, beefmaster, etc.). Ejemplo de esto podría ser el fijar el color y el largo de pelo de un determinado grupo de animales o eliminar cuernos y aumentar la producción de leche y carne, entre otras. (Benjumea Marín et al., 2010; Piñeira et al., 2015).
- b) Para comprobar que un individuo no sea portador de genes letales (genes que producen defectos con consecuencia de muerte) o anormalidades genéticas (Benjumea Marín et al., 2010).

- c) Otra aplicación muy importante es el desarrollo de líneas puras a través de las generaciones, fijando las características propias de cada raza (Piñeira et al., 2015).

Entre los efectos negativos resaltan:

- a) Aumento en la homocigosis, es decir, aumento en la presencia de individuos con genes para un mismo carácter (Piñeira et al., 2015).
- b) Aparición con mayor frecuencia de defectos letales y otras anormalidades genéticas debido a la homocigosis de genes recesivos (Florio, 2005).
- c) Niveles altos de consanguinidad pueden perturbar la fertilidad de los animales, generar problemas para la salud de los mismos y acarrear problemas productivos (Piñeira et al., 2015). A este hecho se le conoce como depresión por consanguinidad o depresión por Endogamia (Florio, 2005).

#### 1.2.2. Estimación del coeficiente de consanguinidad

El coeficiente de consanguinidad ( $F_x$ ) tiene dos funciones principales, por un lado, mide la probabilidad de que un individuo tenga dos alelos idénticos por ascendencia en un mismo locus, enfatizando que puede darse el mismo caso, aunque no exista ninguna relación, conociéndose en ese caso como idénticos por naturaleza o en estado, como ocurre en la mutación. Por otro lado, mide el aumento de la homocigosis en una población que trae como consecuencia la disminución de la heterocigosis (Spike, 2009).

Para realizar el cálculo del coeficiente de consanguinidad existen dos métodos. El primero denominado el método de flechas y el segundo denominado método de covariancias. Para ambos métodos es necesario el uso del registro genealógico o pedigrí, para obtener valores estimados de covariancias que permitan estimar valores de consanguinidad en la generación posterior (Vilela, 2012).

El método de flechas es muy utilizado para calcular el coeficiente de consanguinidad, sin embargo, su uso puede volverse nada práctico con datos amplios o datos con estructura compleja (Ruiz, 2009).

$$F_x = 1/2 \sum [(1/2)^n (1+F_a)]$$



**UNIVERSIDAD ESTATAL AMAZÓNICA**  
**FACULTAD DE CIENCIAS DE CIENCIAS DE LA VIDA**  
**Trabajo de Integración Curricular**

---

$F_x$  : Coeficiente de consanguinidad del individuo X

$\Sigma$  : Sumatoria sobre todos los caminos que conectan con los padres de X a través de todos los antepasados.

N : Número de individuos en el camino correspondiente

$F_a$  : Coeficiente de consanguinidad del antecesor común en cada camino.

### 1.2.3. Incremento de la consanguinidad

La presencia e incremento de la consanguinidad se presenta en poblaciones pequeñas, cerradas genéticamente o con el uso intensivo de pocos sementales mediante inseminación artificial (IA) (Flores et al., 2006).

Cuando se dispone de genealogías, el tamaño efectivo de la población se puede calcular a partir del incremento de la Endogamia (DF) entre dos generaciones discretas como en  $N_e = \frac{1}{2\Delta F}$  con  $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$ , donde  $F_t$  y  $F_{t-1}$  son la consanguinidad media en las generaciones  $t$  y  $t-1$ . Para una población ideal de tamaño constante sin migración, sin mutación y sin selección lo largo de generaciones discretas el incremento de la Endogamia es constante. Por otro lado, en poblaciones reales con generaciones superpuestas, la cantidad de machos y hembras tiende a ser diferente y el apareamiento no aleatorio es la regla, lo que hace a DF un parámetro difícil de tratar (Gutiérrez et al., 2008).

### 1.2.4. Diversidad genética

En el sentido más amplio, la diversidad genética se refiere a la variación hereditaria dentro y entre poblaciones de determinada especie o grupo de especies (Oldenbroek, 2017). En el caso de los animales, su diversidad genética se mide en las diferencias en el ADN entre especies, razas e individuos (Oldenbroek, 2017).

El mantenimiento de la diversidad genética es muy importante en la cría de animales, debido a que la heterocigosidad y la diversidad alélica se pueden perder de pequeños, a un ritmo acelerado cuando se cuenta con poblaciones cerradas y seleccionadas (Sheikhlou & Abbasi, 2016). La pérdida de diversidad y el aumento

resultante de la homocigosidad puede resultar en una disminución de la producción y / o aptitud de animales consanguíneos (Sheikhlou & Abbasi, 2016).

#### 1.2.5. Fundadores

Los fundadores son definidos como animales que no presentan parentesco entre sí y forman parte de la llamada población base. El pedigrí continuamente se remonta a los animales fundadores. Por lo general se evidencia un alto nivel de consanguinidad para poblaciones con un pequeño número de fundadores. No obstante, puede evidenciarse un pequeño número de fundadores debido a registros genealógicos incompletos (Legarra et al., 2015).

#### 1.2.6. Camino ancestral más largo (LAP)

Como camino ancestral más largo ( **LAP** ) se conoce al número de generaciones que separan a un individuo del ancestro más antiguo conocido, el cual es equivalente al número de pseudogeneraciones (  $\psi$  ) y determinado usando la regla de que  $\psi$  de un individuo es siempre igual al máximo  $\psi$  de los padres más uno (Sargolzaei et al., 2006).