

DOI: <https://doi.org/10.56124/allpa.v9i18.0159>

Evaluación de la consanguinidad y diversidad genética de la raza Guzerat en Ecuador

Assessment of Inbreeding and genetic diversity in Guzerat cattle breed in Ecuador

Párraga-Cedeño Darling Onias ¹; Vera-Domínguez John Maykel ²;
Larrea-Izurrieta Carlos Octavio ³; Cartuche-Macas Luis Favian ⁴

¹ Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López. Calceta, Ecuador.
Correo: darling.parraga@espam.edu.ec. ORCID ID: <https://orcid.org/0009-0003-5721-8414>.

² Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López. Calceta, Ecuador.
Correo: jhon.vera@espam.edu.ec. ORCID ID: <https://orcid.org/0009-0008-5079-4482>.

³ Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López. Calceta, Ecuador.
Correo: clarrea@espam.edu.ec. ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0002-9167-2456>.

⁴ Escuela Superior Politécnica Agropecuaria de Manabí Manuel Félix López. Calceta, Ecuador.
Correo: lfcartuche@espam.edu.ec. ORCID ID: <https://orcid.org/0000-0003-3278-1238>.

Resumen

El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar los parámetros demográficos y diversidad genética en la población de bovinos registrados en la Asociación Ecuatoriana de Criadores de Ganado Guzerat y sus cruces. Se utilizó la información genealógica de 2.360 animales con información de ancestros provenientes de Brasil y Colombia de los cuales 165 animales fueron inscritos en Ecuador. La base de datos fue procesada en los programas CFC y PopReport para estimar niveles de consanguinidad, parentesco, intervalo generacional, tamaño efectivo de la población y parámetros de origen de genes. Los resultados mostraron que la integridad del pedigrí pasó de 16.73% a 46.21% en las 17 generaciones evaluadas. El coeficiente promedio de consanguinidad fue bajo (1,36%), al igual que el parentesco medio (1,07%) y un tamaño efectivo de la población entre 81.91 y 179.22, indicó que esta raza dispone de una diversidad genética adecuada. Sin embargo, se identificaron individuos con valores elevados y una tendencia ascendente en décadas recientes, asociada al uso repetido de ciertos reproductores. Con estas evidencias, la raza Guzerat en Ecuador mantiene una estructura genética favorable, pero requiere fortalecer estrategias de manejo reproductivo y diversificación genética para prevenir incrementos futuros de consanguinidad y garantizar su sostenibilidad a largo plazo.

Palabras clave: Ancestro, parentesco, consanguinidad, pedigrí, demografía.

Abstract

The aim of this study was to assess demographic parameters and genetic diversity in the cattle population registered with the Ecuadorian Association of Guzerat Breeders and their crossbreeds. Pedigree information from 2,360 animals, including ancestors from Brazil and Colombia, of which 165 animals were registered in Ecuador, was analyzed. The database was processed using the CFC and PopReport software to estimate inbreeding, kinship, generation interval, effective population size, and gene-origin parameters. Results showed that pedigree completeness increased from 16.73% to 46.21% across the 17 evaluated generations. The mean inbreeding coefficient was low (1.36 %), as were the average kinship (1.07 %) and the effective population size, which ranged from 81.91 to 179.22, indicating adequate genetic diversity in this breed. Nevertheless, individuals with high inbreeding values and an upward trend in recent decades were detected, attributable to the repeated use of certain sires. Overall, the Guzerat breed in Ecuador

maintains a favorable genetic structure; however, enhanced reproductive management and genetic diversification strategies are required to forestall future increases in inbreeding and ensure long-term sustainability.

Keywords: Ancestor, kinship, inbreeding, pedigree, demography.

1. Introducción

La implementación de prueba de reproductores, evaluaciones genéticas nacionales e internacionales y las continuas mejoras en los métodos y modelos genéticos de selección, han sido clave para la toma de decisiones en la selección de los padres de las siguientes generaciones, lo que lleva a un incremento del nivel genético de una generación a la siguiente de manera sostenida. No obstante, los programas de mejora genética tradicionales, implementados en bovinos en los últimos 50 años, han permitido generar un importante progreso sobre todo para caracteres productivos, aunque con pérdidas en la diversidad genética de las diversas poblaciones Andere et al. (2017).

La información genealógica define las relaciones de parentesco de toda la población a través del pedigrí de cada animal así mismo el análisis de pedigrí permite caracterizar la estructura demográfica, analizar los niveles, tendencias y posibles efectos de la

consanguinidad. Así como examinar cambios en la diversidad genética para prevenir pérdidas, particularmente en poblaciones bajo un proceso de selección; además, incide en la modificación de la expresión de los genotipos, fenómeno que se conoce como depresión por consanguinidad (Castro-Vásquez et al., 2023).

En especies pecuarias, la depresión por consanguinidad incrementa el riesgo de que los individuos padezcan algunas enfermedades genéticas, disminuyan su fertilidad y que se vea afectada su aptitud productiva y de salud, igualmente, puede afectar el desempeño de cualquier característica bajo selección. Además, la consanguinidad es originada por el cruzamiento de animales emparentados y representa la probabilidad de que en cualquier locus de un individuo se encuentren genes idénticos por descendencia (García-Ruiz et al., 2021).

La consanguinidad no afecta a todas las características ni todas las poblaciones con la misma intensidad, por lo que se

requiere cuantificar sus efectos para casos particulares; la presencia e incremento de la consanguinidad ocurre en poblaciones pequeñas, cerradas genéticamente o con el uso intensivo de pocos sementales mediante inseminación artificial (Ruíz-Flores et al., 2006). Por otra parte, Pacheco Álvarez et al. (2010) determinaron que el control de la acumulación de la consanguinidad puede realizarse a dos niveles: 1) a través de los centros de inseminación manteniendo un balance entre la superioridad genética y diversidad de selección y, 2) a nivel de predio, en el momento que cada vaca es apareada, estimando el nivel de consanguinidad del futuro ternero.

En los cruzamientos, los productores tienen como objetivo explotar las características favorables de las razas alternativas, eliminar los efectos negativos asociados con la consanguinidad y sacar provecho de la heterosis (Larrea-Izurieta et al., 2020). La identificación precisa de los individuos dentro de un predio, permiten obtener estimaciones del grado de relación de los animales y de esta forma, estimar el nivel de consanguinidad de la futura cría y con ello disminuir la depresión por

consanguinidad (Pacheco Álvarez et al., 2010). Los cruzamientos y la selección son las únicas herramientas disponibles para la mejora animal, permitiendo aumentar la productividad rápidamente (Larrea-Izurieta et al., 2020). Las estimaciones de coeficiente de consanguinidad usando dos o tres generaciones de pedigrí, siempre serán menores que los basados en datos de diez o veinte generaciones; sin embargo, la información completa de cuatro o cinco generaciones es suficiente para obtener datos precisos de consanguinidad (Oré C. et al., 2009).

La importancia de la estrategia de mejoramiento genético y de la reproducción es preservar el más alto nivel de las fuentes de diversidad genética en las razas, representado por la variabilidad genética y el nivel mínimo de consanguinidad. Esto requiere del desarrollo de parámetros óptimos para el uso de la consanguinidad en los programas de cría, lo que implica que la comprensión de la distribución de la carga genética es importante para mejorar el valor fenotípico de una población en el futuro. Además, es importante considerar, que la consanguinidad por arriba de cierto

umbral se asocia con efectos negativos e indeseables (Larrea-Izurieta et al., 2022). En el Ecuador han sido pocas las razas las cuales han sido evaluadas la diversidad genética a través de información genealógica, por ejemplo, Charolais (Cartuche-Macas et al., 2024; Lozada et al., 2023), Holstein Friesian (Cartuche-Macas et al., 2025c), Montbeliarde (Cartuche-Macas et al., 2025b), Brown Swiss (Cartuche et al., 2014; Cartuche-Macas et al., 2025a) y Nelore (Cartuche-Macas et al., 2025d). Mientras que en el caso de las razas indicas de finalidad lechera no se ha investigado aún. El objetivo general de este estudio fue evaluar los parámetros demográficos y diversidad genética en la población de bovinos Guzarat registrados en Ecuador.

2. Metodología (materiales y métodos)

Este estudio descriptivo utilizó variables cuantitativas de los registros de animales inscritos desde enero del 2010 en la Asociación Ecuatoriana de Criadores de Ganado Guzarat y sus Cruces (AECGG). Estos registros se complementaron con la información de sus ancestros registrados en Brasil (Associação Brasileira dos Criadores de Zebu) y Colombia (Asociación Colombiana de Criadores de Ganado Cebú).

2.1 Integridad del pedigrí

Se define como la cantidad de generaciones y antepasados que se conocen de una especie, además esto se aplica al nivel de detalle y la cantidad de información dada en el pedigrí o en genealogía, especialmente en contextos como genética, cría de animales o examen médico. En estos casos la genealogía no solo incluirá los animales principales de la familia o la línea de reproducción, sino también los siguientes aspectos, como el número de generaciones, cuántos ancestros de familias o linajes están incluidos. En muchos casos, la genealogía completa puede incluir generaciones, para garantizar una idea clara de funciones o posibles enfermedades genéticas (Ramirez-Valverde et al., 2018).

El análisis de integridad del pedigrí se realiza a través del número de generaciones equivalentes (GE); esta última se estima mediante la fórmula [1]. Además, la comparación entre las generaciones completas y máximas permitirá verificar la integridad de la información del pedigrí ya que valores similares indican la existencia de pocos animales desconocidos dentro del mismo.

$$GE = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^n \quad [1]$$

Donde: GE = Número de generaciones equivalentes; $\sum$ = Sumatoria de los valores calculados; n = Número de generaciones que separa al individuo de cada ancestro con un registro conocido.

2.2 Parámetros genealógicos

Los parámetros genealógicos que se evaluaron siguiendo la metodología propuesta por Larrea-Izurieta et al. (2022): la consanguinidad individual (Fi) de Wright, definida como la probabilidad de que un individuo tenga dos alelos idénticos por descendencia, calculado por método tabular como se describe en la siguiente ecuación (Dijkinga et al., 2022):

$$F = \sum (0.5)^n (1 + F_{\alpha}) \quad [2]$$

Dónde: F = Coeficiente de consanguinidad; n = Número de generaciones entre el individuo y el ancestro común; F_{α} = Coeficiente de consanguinidad del ancestro común.

Se consideraron los siguientes rangos, tal como se establece en la literatura: baja consanguinidad ($F < 6.25\%$): Indica niveles de consanguinidad aceptables, con un impacto mínimo en las características productivas y reproductivas del animal; la

consanguinidad media ($6.25\% \leq F < 12.5\%$) representa un aumento moderado en la probabilidad de homocigosis y la consanguinidad alta ($F \geq 12.5\%$) se asocia con animales provenientes de cruzamientos entre parientes cercanos. No obstante, cuando lo niveles superan 12.5% puede generar una depresión endogámica significativa, disminuyendo la eficiencia reproductiva y la productividad (Miglior & Burnside, 1995; Ramirez-Valverde et al., 2018).

El coeficiente de parentesco medio (AR), se define como la probabilidad de que un alelo elegido aleatoriamente de toda la población pertenezca a un animal dado; este parámetro expresa cómo un individuo o un grupo de individuos representa a la población, en los fundadores los valores de AR muestran su contribución genética a todo el pedigrí y se calcula de la siguiente manera (González-Cano et al., 2022).

$$AR = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^{n_1+n_2} \quad [3]$$

Donde: AR = Coeficiente de parentesco medio; n_1 = Número de generaciones que separa al primer individuo del ancestro común; n_2 = Número de generaciones que separa al segundo individuo del mismo ancestro común; $\sum$

= Sumatoria de los valores calculados para todos los ancestros comunes.

El incremento de consanguinidad se refiere a la variación en el coeficiente de consanguinidad de una generación a la siguiente; este parámetro puede considerarse como una forma alternativa de medir la consanguinidad ajustada según la profundidad del pedigrí del individuo. De esta manera, permite diferenciar entre dos animales que presenten el mismo coeficiente de consanguinidad, pero con variaciones en el número de generaciones en las que dicho nivel de consanguinidad se ha manifestado; se puede calcular de la siguiente manera (Vostrá-Vydrová et al., 2016):

$$\Delta F = 1 - \sqrt[GE-1]{1 - F_x} \quad [4]$$

Donde: ΔF = incremento de consanguinidad individual; F_x = coeficiente individual de consanguinidad; GE = número de generaciones completas equivalentes.

También es importante determinar la evolución del incremento de la consanguinidad a través del incremento de consanguinidad por año ($\Delta F/\text{año}$) obtenido mediante la regresión de F_i con el año de nacimiento, e incremento de

consanguinidad por generación ($\Delta F/\text{generación}$) calculado a partir del ($\Delta F/\text{año}$) multiplicado por el intervalo generacional (Vostrá-Vydrová et al., 2016).

El tamaño efectivo de la población (N_e) se define como el número de individuos que tendría una población real para mantener las tasas de consanguinidad que le corresponderían si tuviera la condición ideal desde el punto de vista reproductivo y contribuir de la misma manera a la siguiente generación que daría lugar a la misma tasa de consanguinidad. Se puede calcular como el inverso del doble del valor medio de los incrementos de consanguinidad individual (Núñez-Domínguez et al., 2020).

$$N_e = \frac{4N_mN_f}{N_m+N_f} \quad [5]$$

Donde: N_e = Tamaño efectivo de la población; N_m = Número de machos reproductores; N_f = Número de hembras reproductoras.

2.3 Probabilidad de origen de los genes

Se calcula a través de cinco parámetros: la probabilidad de origen de los fundadores que se define como el número de individuos cuyos progenitores no están registrados; si

solo se desconoce uno de los padres, se les denomina "fundadores fantasmas". Probabilidad de origen de los ancestros define aquellos individuos que han tenido una mayor influencia en la variabilidad genética de la población en comparación con sus predecesores; un ancestro también puede ser considerado un fundador (Boichard et al., 1997).

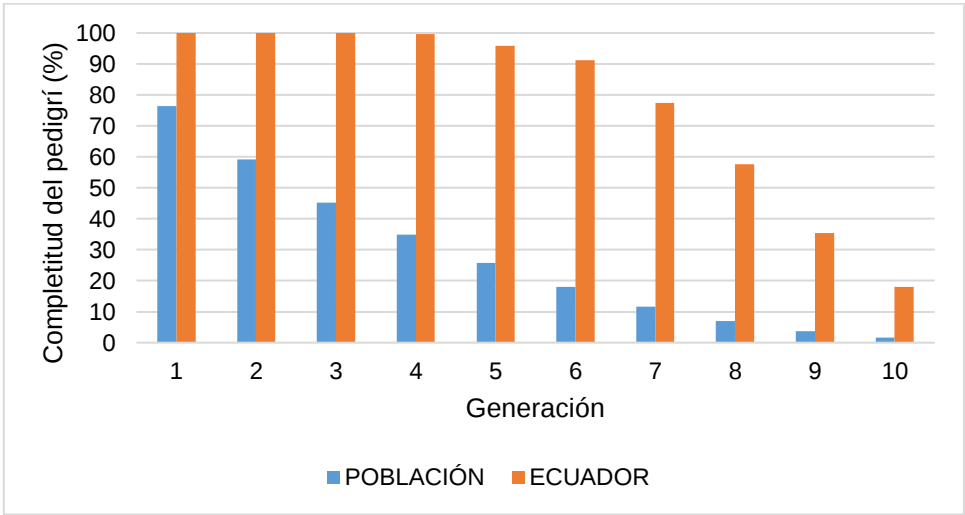
El número efectivo de fundadores (f_e) definido como el número de fundadores que contribuyeron por igual y se esperaba que produjeran la misma diversidad genética que la población de estudio, mientras el número efectivo de ancestros, (f_a) se define como el número mínimo de ancestros que no necesariamente fueron fundadores y que representaban la diversidad genética completa de una población según, en cuanto al número de equivalentes del genoma fundador (f_g) se define como el número de fundadores que se esperaría que produjeran la misma diversidad genética que la población en estudio si los fundadores estuvieran igualmente representados y no se produjera pérdida de alelos (Gutiérrez & Goyache, 2005).

La base de datos genealógica se tabuló y proceso en el paquete informático CFC y PopReport.

3. Resultados y discusión

En la figura 1 se muestra la integridad del pedigrí de la población total y de Ecuador en la que se muestra que la población de Ecuador posee un 77.50% de padres y madres conocidos en 10 generaciones conocidas. En contraste con la población total que mostro un promedio de 28.36%. Por otro lado, en la población de Ecuador se encontró que las seis primeras generaciones mostraron más de un 90% de integridad, lo que demuestra que existe una mayor profundidad y calidad de los registros genealógicos mientras que la población total mostro valores entre 17.9% a 76.46% con un promedio de 28.36% padres y madres con ancestro conocido.

Figura 1. Completitud del pedigrí.



En la tabla 1 muestra la población de bovinos Guzerat registrados en Ecuador y su ascendencia colombiana y brasilera que está compuesta por 2.360 animales, de los cuales 759 presentan algún grado de consanguinidad. La mayoría de los individuos (2.205) tuvo descendencia, con una participación equilibrada entre machos y hembras: 701 padres generaron 1.809 crías, mientras que 1.504 madres aportaron 1.800 crías. Dentro de la población, 545 animales

fueron fundadores y 1.815 no fundadores, siendo estos últimos los que contribuyeron con la mayor parte de la descendencia. La información genealógica posee una calidad aceptable, ya que 1.794 animales cuentan con ambos progenitores identificados, y el tamaño familiar promedio es de 2,34 crías por familia, lo que refleja familias relativamente pequeñas, pero bien documentadas.

Tabla 1. Estructura del pedigrí de bovinos de raza Guzerat en Ecuador

Variable	Total
Total de individuos	2360
Individuos consanguíneos	759
Individuos con progenie	2205
Padres	701
Progenie de los padres	1809
Madres	1504
Progenie de las madres	1800
Individuos sin progenie	155
Fundadores	545
Progenie de los fundadores	551
Padres fundadores	169
Progenie de los padres fundadores	384

Madres fundadoras	375
Progenie de las madres fundadoras	419
No fundadores	1815
Padres no fundadores	532
Progenie de los padres no fundadores	1425
Madres	1129
Progenie de las madres no fundadoras	1381
Solo con padre conocido	15
Solo con madre conocida	6
Con padre y madre conocidos	1794
Hermanos completos	82
Tamaño familiar promedio	2.34

En la Tabla 2 se observa que los bovinos Guzerat de esta población presentan un nivel de consanguinidad promedio bajo de 1,36%, lo que indica que, en general, los individuos no mantienen un parentesco cercano. Sin embargo, la desviación estándar (3,53%) y los valores máximos registrados (31,25%) muestran que existen casos aislados con niveles altos de consanguinidad, probablemente debido a cruces entre parientes cercanos en ciertas líneas genéticas. El incremento individual de consanguinidad, con un promedio de 2,40% y un máximo de 49,91%, refleja que algunos animales han contribuido significativamente a la consanguinidad dentro de la población, aunque la mayoría mantiene un bajo riesgo. Asimismo, el promedio de parentesco de 1,07% indica que, en términos generales, los animales están poco relacionados entre sí, lo que favorece la diversidad genética y la salud poblacional.

Tabla 2. Indicadores de consanguinidad, incremento y parentesco en bovinos Guzerat

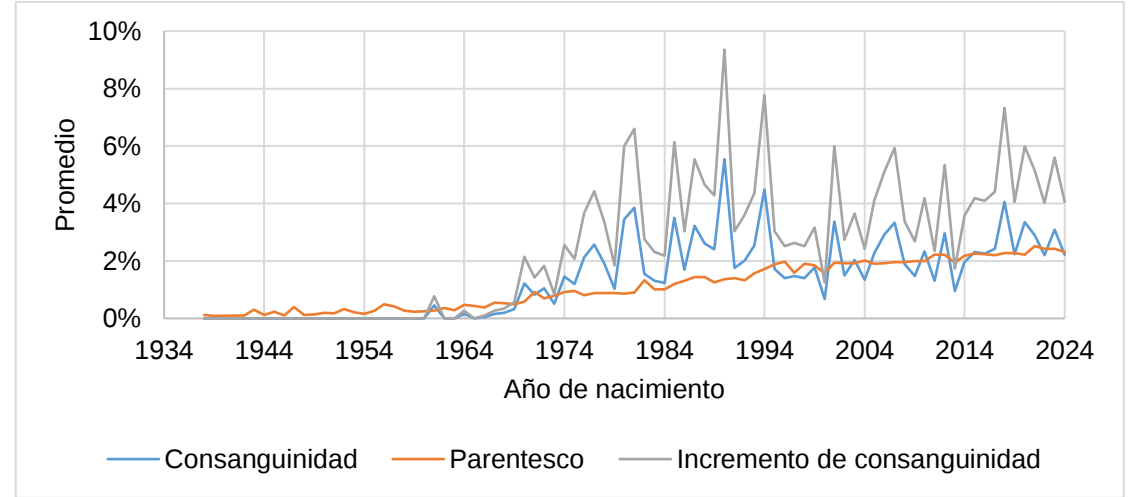
		F	ΔF	AR	Ne
Total	Media	1,36%	2,40%	1,07%	179.22
	Min	0,00%	0,00%	0,04%	
	Max	31,25%	49,91%	3,07%	
Ecuador	Media	2.64%	0.35%	2.41%	81.94
	Min	0.26%	0.03%	1.76%	
	Max	26.01%	4.03%	2.88%	

F = Consanguinidad; ΔF = Incremento de consanguinidad; AR = Parentesco; Ne = Tamaño efectivo de la población.

En la figura 2 se evidencia que desde 1934 hasta mediados de los años sesenta los niveles de consanguinidad y parentesco se mantuvieron bajos y estables (información de ancestros evaluados). A partir de entonces

comenzaron a incrementarse gradualmente, evidenciando una mayor relación genética entre los individuos. El incremento de consanguinidad presenta variaciones notables, con picos entre las décadas de 1980 y 2000, lo que indica periodos de cruces entre animales emparentados. En los años recientes, aunque los valores tienden a estabilizarse alrededor del 2 al 3% (figura 2), se confirma que la consanguinidad ha aumentado en comparación con los primeros años, reflejando una base genética más reducida y el uso frecuente de reproductores con lazos familiares cercanos.

Figura 3. Comportamiento del promedio de consanguinidad y parentesco por año



En la tabla 3 se evidencia que la población presenta en su mayoría bajos niveles de consanguinidad, destacando el rango de $0.00 < F \leq 0.05$ con 549 individuos, lo que refleja una amplia variabilidad genética. A medida que los valores de consanguinidad aumentan, el número de individuos disminuye considerablemente, mostrando que los casos de alta consanguinidad son escasos. En general, estos resultados sugieren que la población mantiene una estructura genética equilibrada, aunque la presencia de algunos individuos con valores superiores a 0.20 indica la necesidad de continuar con un control reproductivo que evite la reducción de la diversidad genética.

Tabla 3. Distribución de individuos según el rango de coeficiente de consanguinidad

Coeficientes de consanguinidad	Número de individuos	
	Total	Ecuador
0.00<F<=0.05	549	147
0.05<F<=0.10	117	16
0.10<F<=0.15	67	1

0.15<F<=0.20	6	-
0.20<F<=0.25	15	-
0.25<F<=0.30	3	1
0.30<F<=0.35	2	-

La tabla 4 se observa que la edad promedio de los progenitores en la población de toros y vacas Guzerat al momento de nacer sus crías. Los toros mostraron un promedio de $8,00 \pm 1,49$ años, mientras que las vacas tuvieron un promedio de $7,29 \pm 0,77$ años, resultando en un intervalo generacional promedio de $7,65 \pm 0,85$ años. Al

desglosar por tipo de relación, los toros tuvieron hijos a los $8,84 \pm 3,56$ años e hijas a los $7,54 \pm 1,25$ años. Las vacas, por su parte, tuvieron hijos a los $7,76 \pm 1,91$ años e hijas a los $7,05 \pm 1,05$ años. Estos resultados reflejan cómo la edad de los progenitores, en años, varía según su sexo y el sexo de la descendencia en la raza Guzerat.

Tabla 4. Intervalo generacional (años) según tipo de relación

Vía gamética	Media $\pm$ DE	
	Histórica	Ecuador
Padre-Hijo	8.84 $\pm$ 3.56	-
Padre-Hija	7.54 $\pm$ 1.25	8.85 $\pm$ 3.01
Madre-Hijo	7.76 $\pm$ 1.91	-
Madre Hija	7.05 $\pm$ 1.05	4.81 $\pm$ 2.53

DE=Desviación estándar

A continuación, la tabla 5 se observa el análisis de la probabilidad de origen de la población de los 2.360 individuos registrados, 545 fueron identificados como fundadores, y la mayoría de los animales (1.794) contaba con información completa de ambos progenitores, mientras que 21 tenían solo un padre o madre registrado. Los parámetros de diversidad genética muestran que el número efectivo de fundadores (205,30), el número efectivo

de ancestros (93,74) y el número efectivo de equivalentes fundadores (172,52) reflejan una base genética relativamente amplia, pero con contribuciones desiguales de los ancestros. Los cocientes f_e/f_a (2,19) y f_g/f_e (0,84) indican que algunos linajes han tenido un papel dominante en la transmisión de genes, lo que ha reducido la diversidad genética efectiva respecto al potencial inicial aportado por los fundadores.

Tabla 5. Estimación de la probabilidad de origen de genes

Parámetro	Total	Ecuador
Número de individuos	2360	165
Número de fundadores	545	523
Número efectivo de fundadores (fe)	205.30	71
Numero efectivo de no fundadores	223.26	152.32
Número efectivo de ancestros (fa)	93.74	22
Número genomas fundadores equivalentes (fg)	111.16	22.63
<i>fe/fa</i>	2.19	3.22
<i>fg/fe</i>	0.84	0.31
Número de ancestros que explican el 25% diversidad genética	13	3
Número de ancestros que explican el 50% diversidad genética	46	8

Discusión

A nivel internacional, la dinámica genética observada en la población Guzerat ecuatoriana es congruente con los patrones descritos en otras poblaciones bien estructuradas. En Brasil, Portes et al. (2024) y Ferreira et al. (2022) reportaron coeficientes promedio de consanguinidad inferiores al 1 %, a pesar de que más del 50 % de los animales presentaban algún grado de consanguinidad, evidenciando que la baja F promedio puede mantenerse mediante un manejo reproductivo adecuado. En India, Strucken et al. (2021) registraron valores cercanos al 2 % en líneas puras de Guzerat, donde el uso repetido de toros campeones fue la principal causa del aumento endogámico. Diversos autores han señalado que los programas de selección

intensiva pueden incrementar la consanguinidad si no se controla la contribución genética de los reproductores (Callegaro et al., 2025; Diniz Peixoto et al., 2022; Mota et al., 2024). Sin embargo, investigaciones más recientes demuestran que es posible mantener valores bajos de consanguinidad como los observados en este estudio cuando se implementa un uso equilibrado de sementales y se incorporan herramientas genómicas en los programas de mejoramiento (Carrara et al., 2022).

A nivel latinoamericano, los resultados del presente estudio se alinean con los valores observados en otras razas cebuínas y criollas de la región. En México, Ramirez-Valverde et al. (2018) reportaron valores de consanguinidad entre 0,9 % y 4,2 % en bovinos de carne,

atribuibles a programas de selección planificados y al uso equilibrado de machos reproductores. En Argentina, Macor (2013) estimó tamaños efectivos poblacionales (N_e) entre 119 y 129 en la raza Bradford, suficientes para preservar la diversidad genética; este rango es superior al N_e de 79 estimado para la población ecuatoriana. En Colombia, Cañas-Álvarez et al. (2023) registraron una consanguinidad promedio de 2,53 % en la raza criolla Romosinuano, con tendencia ascendente asociada al tamaño reducido de la población y al uso repetido de ciertos toros.

En conjunto, estos estudios confirman que la población Guzerat ecuatoriana se encuentra dentro de los rangos genéticamente aceptables para la región, aunque requiere medidas de manejo para evitar incrementos futuros ya que en poblaciones pequeñas la consanguinidad tiende a aumentar por generación, reforzando la necesidad de implementar estrategias (Cañas-Álvarez et al., 2023).

A nivel nacional, la raza Guzerat presenta una estructura genética favorable, con un coeficiente promedio de consanguinidad bajo (1,36 %), valores reducidos de parentesco y un intervalo

generacional prolongado (7,65 años), lo cual limita el incremento endogámico y favorece la estabilidad genética. No obstante, la presencia de individuos con consanguinidad elevada y la tendencia ascendente en décadas recientes reflejan el uso reiterado de ciertos reproductores, tal como se observa en poblaciones sometidas a programas intensivos de selección (Bem et al., 2024; Perez et al., 2017). Este comportamiento coincide con lo planteado por Callegaro et al. (2025), quienes afirman que el avance genético sin control puede elevar la consanguinidad si no se regula la contribución genética de las líneas.

Además, el intervalo generacional largo observado concuerda con lo descrito por Ramirez-Valverde et al. (2018) y Toro et al. (2008), quienes sostienen que intervalos extensos reducen la velocidad de progreso genético, pero ayudan a mantener bajo el incremento de consanguinidad, promoviendo la sostenibilidad genética a largo plazo. En este contexto, el presente estudio no solo proporciona uno de los primeros antecedentes sobre la estructura genética de la raza Guzerat en Ecuador, sino que también evidencia la necesidad

de fortalecer estrategias de manejo reproductivo y diversificación genética.

En Ecuador, no se habían desarrollado investigaciones específicas sobre la consanguinidad en bovinos Guzerat, por lo que este estudio constituye un aporte pionero al conocimiento de su estructura genética. Los resultados demuestran un nivel promedio de consanguinidad bajo (1,36 %), lo que indica una diversidad genética adecuada y un riesgo limitado de depresión endogámica. Sin embargo, antecedentes en otras razas permiten contextualizar mejor estos hallazgos. Sanchez (2023) reportó en la raza Normando niveles de consanguinidad inferiores al 6 %, considerados aceptables en poblaciones controladas, mientras que Cartuche-Macas et al. (2025b) observaron en el ganado Montbeliarde un valor promedio de 2,8 % y una tendencia ascendente por generación, asociada al uso concentrado de reproductores selectos. Comparativamente, la raza Guzerat presenta valores incluso más bajos, lo que evidencia un manejo reproductivo más equilibrado y una menor pérdida de diversidad genética en el contexto ecuatoriano.

4. Conclusiones

Se evidenció una estructura genealógica bien documentada y una base genética suficientemente amplia para mantener la diversidad. La mayoría de los animales cuenta con progenitores identificados y el pedigrí abarca hasta 17 generaciones, lo que demuestra un adecuado registro histórico. Los parámetros genéticos mostraron un coeficiente promedio de consanguinidad bajo y un parentesco reducido, lo que indica que la población, en general, no presenta riesgos inmediatos de depresión endogámica. Sin embargo, la existencia de individuos con valores elevados de consanguinidad y el incremento de consanguinidad en las últimas décadas evidencian el uso repetido de ciertos reproductores y la reducción progresiva de la base genética. El tamaño efectivo poblacional y la contribución desigual de los ancestros reflejan la necesidad de diversificar el uso de sementales y fortalecer las estrategias de manejo reproductivo.

Bibliografía

- Andere, C. I., Rubio, N., Rodriguez, E., Aguilar, I., & 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. *Revista de Investigaciones Agropecuarias*, 43, 92-97. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=86451165013>
- Bem, R. D., Benfica, L. F., Silva, D. A., Carrara, E. R., Brito, L. F., Mulim, H. A., Borges, M. S., Cyrillo, J. N. S. G., Canesin, R. C., Bonilha, S. F. M., & Mercadante, M. E. Z. (2024). Assessing different metrics of pedigree and genomic inbreeding and inbreeding effect on growth, fertility, and feed efficiency traits in a closed-herd Nellore cattle population. *BMC Genomics*, 25(1), 738. <https://doi.org/10.1186/s12864-024-10641-3>
- 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. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-29-1-5>
- Callegaro, S., Tiezzi, F., Maltecca, C., Fabbri, M. C., do Carmo Panetto, J. C., & Bozzi, R. (2025). Comprehensive analysis of inbreeding depression across growth, fertility, and survival traits in Limousine beef cattle. *Animal*, 19(11), 101672. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2025.101672>
- Diniz Peixoto, M. G., Carrara, E. R., Lopes, P. S., Tomita Bruneli, F. Â., & Penna, V. M. (2022). The contribution of a MOET nucleus scheme for the improvement of Guzerá (*Bos indicus*) cattle for milk traits in Brazil [Original Research]. *Frontiers in Genetics*, Volume 13 - 2022. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.982858>
- Cañas-Álvarez, J. J., Ossa-Saraz, G. A., Garcés-Blanquiceth, J. L., & Burgos-Paz, W. O. (2023). Genealogical structure of the Colombian Romosinuano Creole cattle. *Tropical Animal Health and Production*, 55. <https://doi.org/10.1007/s11250-023-03694-1>
- Carrara, E. R., Peixoto, M. G. C. D., Veroneze, R., Silva, F. F. e., Ramos, P. V. B., Bruneli, F. A. T., Zadra, L. E. F., Ventura, H. T., Josahkian, L. A., & Lopes, P. S. (2022). Genetic study of quantitative traits supports the use of Guzerá as dual-purpose cattle. *Anim Biosci*, 35(7), 955-963. <https://doi.org/10.5713/ab.21.0458>

- Cartuche, L., Vargas, N., & Pascual, M. (2014). Análisis preliminar del pedigrí de las razas bovinas lecheras Jersey y Brown Swiss en el Ecuador. *IX Congreso de ciencia y tecnología ESPE 2014*. <https://journal.espe.edu.ec/ojs/index.php/cienciaytecnologia/article/view/79>
- Cartuche-Macas, L. F., Chacón, E., Gutierrez, M. A., & Garcia-Herreros, M. (2025a). Assessing inbreeding and genetic diversity in South American Brown Swiss cattle: The Ecuadorian experience. The 3rd International Electronic Conference on Animals, Basel, Switzerland. <https://sciforum.net/paper/view/21376>
- Cartuche-Macas, L. F., Guaman Ilvay, O. J., Chacón, E., Gutierrez-Reinoso, M. A., & Garcia-Herreros, M. (2025b). Reproductive Performance, Inbreeding, and Genetic Diversity in Montbeliarde Dairy Cattle Obtained by Absorption Crossing. *Animals*, 15(3), 322. <https://doi.org/10.3390/ani15030322>
- Cartuche-Macas, L. F., Gutiérrez-Reinoso, M. A., Chacón, E., Larrea-Izurieta, C. O., García-Flores, J. M., & Garcia-Herreros, M. (2025c). Ecuadorian Holstein-Friesian cattle paternal lineages: Demographic structure, inbreeding evolution, and genetic diversity. *PLOS ONE*, 20(2), e0318730. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0318730>
- Cartuche-Macas, L. F., Larrea Izurieta, C. O., Vera Llor, L. E., Macías-Andrade, I., & Garcia Herreros, M. (2025d). Assessing the inbreeding evolution and genetic diversity loss in Ecuadorian Nelore (Bos indicus) cattle. Archivos Latinoamericanos de Producción Animal 2025. XXVIII Reunión de ALPA y 8vo Congreso AUPA, Uruguay. https://ojs.alpa.uy/index.php/ojs_files/article/view/3581
- Cartuche-Macas, L. F., Lozada, E. F., Gutiérrez-Reinoso, M. A., Chacón, E., Navas, F. J., & García-Herreros, M. (2024). Evolution of Population Structure, Reproductive Performance, Inbreeding, and Genetic Diversity in Ecuadorian Charolais Cattle. *Veterinary Sciences*, 11(11), 566. <https://doi.org/10.3390/vetsci1110566>
- Castro-Vásquez, R., Vásquez-Loaiza, M., Cruz-Méndez, A., Domínguez-Viveros, J., Camacho-Sandoval, J., & Saborío-Montero, A. (2023). Genealogical information analysis of Gyr and Nelore cattle from Costa Rica. *Ciência Rural*, 53. <http://doi.org/10.1590/0103-8478cr20220236>

- Dijkinga, F., Sotomaior, V., & Sotomaior, C. (2022). Endogamia e seus efeitos na raça Holandesa. *Research, Society and Development*, 11, e58411831288. <https://doi.org/10.33448/rsd-v11i8.31288>
- Ferreira, J. L., Ferraz, J. B. S., Bussiman, F. O., Rodrigues, M. R., Bueno, R. S., Sousa, L. A., Carvalho, M. E., Santos, H. D., Toniolli, R., Mello, S. Q. S., & Sousa, L. F. (2022). Genetic variability of Guzerat cattle raised in northern Brazil, based on pedigree analysis. *Arquivo Brasileiro De Medicina Veterinaria e Zootecnia*, 74. DOI: 10.1590/1678-4162-12721
- Garcia-Ruiz, A., Martinez-Marin, G. J., Cortes-Hernandez, J., & Jesús, R.-L. F. d. (2021). Inbreeding levels and their effects on phenotypic expression in Holstein cattle. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 12(4), 12. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v12i4.5681>
- González-Cano, R., González-Martínez, A., Muñoz-Mejías, M. E., Valera, P., & Rodero, E. (2022). Analyses of Genetic Diversity in the Endangered "Berrenda" Spanish Cattle Breeds Using Pedigree Data. *Animals*, 12(3). <https://doi.org/10.3390/ani12030249>
- Gutiérrez, J. P., & Goyache, F. (2005). A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122(3), 172-176. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x>
- Larrea-Izurieta, C. O., Gomez-Carpio, M., Landi, V., Hurtado, E. A., Macías-Andrade, J. I., Vera-Loor, L. E., Lozada-Rivadeneira, E., & Cartuche-Macas, L. F. (2022). Evaluación de la consanguinidad y variabilidad genética del Caballo Peruano de Paso registrado en Ecuador. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 33. <http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v33i5.21672>
- Larrea-Izurieta, C. O., Hurtado, E. A., Macías-Andrade, J. I., Vera-Loor, L. E., & More-Montoya, M. J. (2020). Estimación del valor genético predicho en bovinos lecheros mestizos en un hato en la sierra alta de Chimborazo, Ecuador. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 31. <http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v31i4.17519>
- Lozada, E., Chacón, E., Sambache, E., Revelo, M., Gutiérrez, M., Delgado, J. V., Cartuche, L., & Navas, F. J. (2023). Diversidad genética y estructura de la población de la raza Charolais en

- Ecuador a través del pedigrí. *Archivos de Zootecnia*, 72(277), 32-42.
<https://www.uco.es/servicios/ucopress/az/index.php/az/article/view/5699/3555>
- Macor, L. (2013). *Evaluación de la variabilidad genética mediante el número efectivo en Braford Argentino* [Tesis de maestría, Universidad Politécnica de Valencia]. RiuNet.
<https://riunet.upv.es/server/api/core/bitstreams/6f71eeb7-dc85-4eb8-9be8-975c8f7f771b/content>
- Miglior, F., & Burnside, E. B. (1995). Inbreeding of Canadian Holstein Cattle. *Journal of Dairy Science*, 78(5), 1163-1167.
[https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(95\)76733-9](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(95)76733-9)
- Mota, L. F. M., Carvajal, A. B., Silva Neto, J. B., Díaz, C., Carabaño, M. J., Baldi, F., & Munari, D. P. (2024). Assessment of inbreeding coefficients and inbreeding depression on complex traits from genomic and pedigree data in Nelore cattle. *BMC Genomics*, 25(1), 944.
<https://doi.org/10.1186/s12864-024-10842-w>
- Núñez-Domínguez, R., Martínez-Rocha, R. E., Hidalgo-Moreno, J. A., Ramírez-Valverde, R., & García-Muñiz, J. G. (2020). Evaluation of the Romosinuano cattle population structure in Mexico using pedigree analysis. *Revista Colombiana De Ciencias Pecuarias*, 33, 44-59.
<https://doi.org/10.17533/udea.rccp.v32n4a05>
- Oré C., J., Fuentes N., E., & Mellisho S., E. (2009). Estimación del coeficiente de consanguinidad de toros Brown Swiss registrados en el Perú, año 2003. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 20, 208-212.
<https://doi.org/10.15381/rivpe.v20i2.608>
- Pacheco Álvarez, P., Hernández Salgado, J. R., & Magaña Valencia, F. (2010). Efecto de consanguinidad sobre la producción láctea en vacas Holstein en el establo "La Estrella", León, Gto, México. *Revista Chapingo Serie Zonas Áridas*, IX(1), 71-75.
<https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=455545062012>
- Perez, B. C., Balieiro, J. C. C., Ventura, R. V., Bruneli, F. A. T., & Peixoto, M. G. C. D. (2017). Inbreeding effects on in vitro embryo production traits in Guzará cattle. *Animal*, 11(11), 1983-1990.
<https://doi.org/10.1017/S1751731117000854>
- Portes, J. V., Rodrigues, G. R. D., de Vasconcellos Silva, J. A. I., de Paula Freitas, A., Mercadante, M. E. Z., Bonilha, S. F. M., Canesin, R.

- C., Valente, J. P. S., & Cyrillo, J. (2024). Effects of inbreeding on production traits and genetic evaluations in Guzerá beef cattle raised under tropical conditions. *Trop Anim Health Prod*, 56(4), 132.
<https://doi.org/10.1007/s11250-024-03987-z>
- Ramirez-Valverde, R., Delgadillo-Zapata, A., Viveros, J., Hidalgo, J., Núñez-Domínguez, R., Rodríguez-Almeida, F., Reyes-Quiroz, C., & Muñiz, J. (2018). Análisis de pedigrí en la determinación de la diversidad genética de poblaciones bovinas para carne mexicanas. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 9(4), 615-635.
<https://cienciaspecuarias.inifap.gob.mx/index.php/Pecuarias/article/view/4654/3939>
- Ruíz-Flores, A. N., Ramírez-Valverde, R., Domínguez Viveros, R., & Mendoza-Domínguez, M. M. C. (2006). Niveles y efectos de la consanguinidad en variables de crecimiento y reproductivas en bovinos tropicarne y suizo europeo. *Agrociencia*, 40(3), 289-301. <https://agrociencia-colpos.org/index.php/agrociencia/article/view/463/463>
- Sanchez, A. (2023). *Diversidad genética y noveles de consanguinidad de la raza Normando en el Ecuador* [Tesis de grado, Universidad Agraria del Ecuador]. Centro de Información Agraria. <https://cia.uagraria.edu.ec/Archivos/SANCHEZ%20ALEJANDRA.pdf>
- Strucken, E. M., Gebrehiwot, N. Z., Swaminathan, M., Joshi, S., Al Kalaldehy, M., & Gibson, J. P. (2021). Genetic diversity and effective population sizes of thirteen Indian cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 53(1), 47.
<https://doi.org/10.1186/s12711-021-00640-3>
- Toro, M. A., Caballero, A., & Fernández, J. (2008). Mejora genética y gestión de poblaciones pequeñas. IV Reunión Nacional de Mejora Genética Animal, 104(2), 268-282.
https://www.aida-itea.org/aida-itea/files/itea/revistas/2008/104-2/268-282 ITEA_104-2.PDF
- Vostrá-Vydrová, H., Vostrý, L., Hofmanová, B., Krupa, E., & Zavadilová, L. (2016). Pedigree analysis of the endangered Old Kladruber horse population. *Livestock Science*, 185, 17-23.
<https://doi.org/10.1016/j.livsci.2016.01.001>