

Análisis de la consanguinidad de la población de bovinos Holando inscriptos en el sistema de Control Lechero Oficial de la República Argentina

ANDERE, C.I.¹; RUBIO, N.¹; RODRIGUEZ, E.¹; AGUILAR, I.²; CASANOVA, D.¹

RESUMEN

Valores crecientes de consanguinidad pueden reducir la fertilidad, salud y productividad de los bovinos lecheros. El objetivo fue estimar el coeficiente de consanguinidad de la población de bovinos Holando Argentino con registro genealógico en la base de datos de la Asociación Criadores de Holando Argentino. La población en estudio comprendió 422.563 animales con ancestros conocidos, origen argentino y nacidos entre los años 1990 y 2009, referente a la genealogía de hembras de Registro de Crías (grado) y Registro de Pedigrí del Sistema Nacional de Control Lechero Oficial. Los coeficientes de consanguinidad fueron obtenidos mediante la implementación de un algoritmo recursivo modificado que considera la consanguinidad de padres desconocidos. La consanguinidad promedio para los 422.563 animales fue 3,38%. La tendencia del coeficiente de consanguinidad, por año de nacimiento de los animales, para la población fue 0,13%. Se observó que el valor para las hembras de Registro de Pedigrí (n=22.174) fue del 4%; el estimado para las 394.239 hembras del Registro de Crías fue del 3,3%. En los 6.150 machos el coeficiente de consanguinidad promedio calculado fue de 3,9%. La consanguinidad promedio para las hembras de la población Holando Argentino fue menor a la observada en poblaciones Holstein de otros países con lechería de relevancia. Sin embargo, debido a su tendencia positiva se sugiere considerar estrategias para controlar su incremento y así mantener una variación genética adecuada en las características de importancia económica.

Palabras clave: consanguinidad; bovinos de leche; genealogía.

ABSTRACT

Increasing values of inbreeding can reduce fertility, health and productivity of dairy cattle. The objective of this study was to estimate the inbreeding coefficient of the population of registered Argentine Holstein dairy cattle with genealogical records in the Argentine Holstein Breeders Association database. The population comprised 422563 animals with known ancestors, from Argentine origin, and born between 1990 and 2009 corresponding to the genealogy of females from Offspring Registration (grade) and Pedigree Registration listed in the National Official Milk Control System with genetic values for the characteristics milk kg, fat kg, protein kg. Inbreeding coefficients were obtained by implementing a modified recursive algorithm which considers the consanguinity of unknown parents. The average inbreeding for the 422563 animals was 3.38%. The trend of

¹Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional del Centro de la Provincia de Buenos Aires Paraje Arroyo Seco s/n Tandil, CP 7000, Buenos Aires, Argentina. Correo electrónico: candere@vet.unicen.edu.ar

²Facultad 2 INIA Las Brujas – Ruta 48 Km 10 - Canelones, Rincón del Colorado, Uruguay.

inbreeding coefficient by year of birth of the animals for the entire population was 0.13%. When analyzing the average inbreeding according to type of animal registration, it was observed that the value for the females from Pedigree Registry ($n = 22174$) was 4%, and 3.3% the estimated for the 394239 females from the Offsprings Registry. With regard to males ($n = 6150$, Pedigree Registry) the estimated average inbreeding coefficient was 3.9%. The average inbreeding for the Argentine Holstein female population was lower than that observed in Holstein populations from countries with a dairy activity of relevance. However, due to the positive trend it is suggested to consider strategies to control its growth and maintain genetic variability in the traits of economic importance.

Keywords: inbreeding; dairy cattle; genealogy.

INTRODUCCIÓN

Los programas de mejora genética tradicionales, implementados en bovinos de leche en los últimos 50 años, han permitido generar un importante progreso sobre todo para caracteres productivos. La implementación de prueba de reproductores, evaluaciones genéticas nacionales e internacionales y las continuas mejoras en los métodos y modelos han sido clave para la toma de decisiones en la selección de reproductores, llevando a un incremento del nivel genético de una generación a la siguiente de manera sostenida. Los modernos programas de selección genética identifican a las familias de animales con un potencial genético superior, y mediante tecnologías reproductivas se distribuyen esos genotipos en la población. Los objetivos de la cría en ganado lechero son similares en países de todo el mundo en general, pero las condiciones ambientales y de manejo pueden variar, dando lugar a ligeramente diferentes presiones de selección aplicados a una determinada característica.

En el proceso de selección genética, algunos de los animales superiores están genéticamente emparentados dado que provienen de las mismas familias de toros, reduciéndose de esta manera la variabilidad genética de la población y dando origen a individuos consanguíneos (Neira, 1985).

La depresión endogámica, según Falconer y Mackay (1996), como reducción en el rendimiento de la media fenotípica asociada con animales endogámicos puede causar importantes pérdidas económicas para los productores lecheros (Smith *et al.*, 1998; Croquet *et al.*, 2006); y ha sido asociada a disminuciones en la producción de leche y de grasa, como así también a incrementos en las tasas de mortalidad. Por lo tanto, los programas de mejoramiento genético deberían tener en cuenta los niveles de consanguinidad.

Existe un consenso general en que la endogamia afecta negativamente a la producción de leche (Hermas *et al.*, 1987; Miglior *et al.*, 1995; Falconer y Mackay, 1996; Smith *et al.*, 1998; Weigel, 2006), la fertilidad (Smith *et al.*, 1998; Thompson *et al.*, 2000a) y la supervivencia (Smith *et al.*, 1998; Thompson *et al.*, 2000a; Sewalem *et al.*, 2006). En Holstein los efectos sobre la producción de leche oscilaron desde -47 kg (entre 6,25% y 12,5% de consanguinidad)

hasta -161 kg (entre 12,5% y 25% de consanguinidad) en lactancias a 305 días (Mc Parland *et al.*, 2007).

Thompson *et al.* (2000b) evaluaron los efectos de la consanguinidad en vacas Holstein, reportando pérdidas de producción de 35 kg de leche por lactancia cuando la consanguinidad fue de 1% y de 55 kg cuando la consanguinidad estuvo entre 7 a 10%. Las pérdidas de producción de grasa y proteína fueron proporcionales a las pérdidas en producción de leche.

Wiggans *et al.* (1995) indicaron que la depresión endogámica fue similar para los caracteres de producción en las distintas razas lecheras de Estados Unidos, donde para la raza Holstein observaron una disminución de 29,6 kg de leche, 1,08 kg de grasa y 0,97 kg de proteína por lactancia por cada punto porcentual de aumento de consanguinidad.

Con respecto al incremento anual de consanguinidad en rodeos Holstein Irlandés, Mc Parland *et al.* (2007) reportaron una tasa de aumento de 0,10% entre 1994 y 2004.

La relevancia de disponer de genealogías completas para estimar la consanguinidad fue estudiada por Cassell *et al.* (2003) quienes compararon el coeficiente de consanguinidad utilizando genealogía completa con un método que utiliza promedios de relaciones de parentesco para antepasados faltantes en poblaciones Holstein de rodeo general (de grado). La endogamia y su desviación estándar aumentó al disponer más información, de $0,04 \pm 0,84$ a $1,65 \pm 2,05$ y $2,06 \pm 2,22$ para Holstein de grado con <31%, 31 a 70%, y 71 a 100% de genealogías completas de cinco generaciones. El método que utiliza el promedio de relaciones de los antepasados faltantes fue de $2,75 \pm 1,06$, $3,10 \pm 2,21$ y $2,89 \pm 2,37$ para los mismos grupos. Los pedigrís de los animales de grado están con frecuencia incompletos y pueden producir estimaciones erróneas de la depresión endogámica que no se solucionarían mediante la inserción promedio de relaciones de parentesco para antepasados faltantes.

Van Doormaal (2008) indicó que los valores de consanguinidad estimados están en función de lo completa que sea la información genealógica utilizada en su cálculo y que estos no se pueden controlar si las genealogías no están completas o si no son precisas. Los coeficientes

de consanguinidad calculados pueden subestimarla si se disponen de datos genealógicos deficientes mientras que con información genealógica de calidad la consanguinidad puede controlarse mediante la utilización de programas informáticos que acompañan el proceso de selección (Weigel, 2006). Así, Weigel (2001) (citado por Caraviello, 2004) observó en la raza Holstein de Estados Unidos que la consanguinidad promedio en rodeos lecheros comerciales fue de 4,9% (5,1% en apareamientos aleatorios y 3,3% utilizando programas computacionales especialmente diseñados para controlar la consanguinidad utilizando los apareamientos con mínimos parentesco) y considera que la falta de información genealógica es una limitante para evitar la consanguinidad.

El reciente desarrollo de tecnologías moleculares y estudios del genoma han permitido el cálculo de los coeficientes de consanguinidad individuales a partir de datos moleculares. Entre los muchos métodos propuestos, un método muy simple y directo parece ser el método de corridas de homocigosis (ROH); longitud continua de *loci* homocigotos correspondiente a la transmisión de haplotipos de padres a hijos.

Por un lado, en la actualidad un estudio realizado por Pryce *et al.* (2014) muestra que diferentes tecnologías permiten estimar la consanguinidad a partir de genealogías partir de genealogías incompletas. Comparando el efecto del genoma y la ubicación específica de tramos de homocigotas (ROH) para fertilidad y características de producción de leche en 8.853 vacas Holstein y 4.138 Jersey, fue detectado un aumento del 1% en la endogamia, basada tanto en pedigrí como en datos genómicos, asociado con una disminución en la producción de leche, grasa y proteína de 0,4 a 0,6% de la media fenotípica, y un aumento en el intervalo entre partos de 0,02 a 0,05% de la media fenotípica.

La contribución óptima es otro método para controlar la consanguinidad. Fue estudiada por Weigel y Lin, (2002), Meuwissen, (1997), Grundy *et al.* (1998), Meuwissen y Sonesson (1998), Grundy *et al.* (2000) y Sonesson *et al.* (2000). El mérito genético medio es maximizado sujeto a restricciones en el parentesco promedio del grupo.

Por otro lado, Weigel y Lin (2002) reportaron que el control a largo plazo también depende de la correcta selección de toros jóvenes que ingresan en las pruebas de progeñie. La progeñie de toros jóvenes tiene consistentemente mayor nivel de consanguinidad que la de toros más viejos (Abdallah y McDaniel, 2002). La diferencia en edad de toros estará ciertamente reflejada en el mérito genético, favoreciéndose así la elección de toros jóvenes, con el riesgo de aumentar la consanguinidad en la población.

De todas maneras, la mejor forma de controlar el nivel de consanguinidad es mediante su conocimiento en la población bajo estudio, equilibrando los beneficios del progreso genético con los efectos no deseables de la depresión endogámica, tanto a corto como a largo plazo.

En consecuencia el objetivo planteado para este trabajo fue estimar los coeficientes de consanguinidad de la población de bovinos de leche Holando Argentino con registro en

la base de datos de la Asociación Criadores de Holando Argentino, correspondiente a la genealogía de hembras con valores genéticos de producción.

MATERIALES Y MÉTODOS

La información analizada provino de la base de datos de la Asociación Criadores de Holando Argentino que integra información de producción y reproducción del Sistema Nacional de Control Lechero Oficial, de morfología del Programa de Calificaciones Morfológicas, y de genealogía del Registro de Crías (grado) y Registro de Pedigrí de la raza.

De acuerdo a la distribución de frecuencias de animales con genealogía conocida, fueron utilizados los animales nacidos entre 1990 y 2009, origen argentino, con valores genéticos para las características kg de leche, kg de grasa y kg de proteína, resultó un total de 422.563 animales (22.174 hembras de Registro de Pedigrí, 394.239 hembras del Registro de Crías y 6.150 machos).

Para la determinación del coeficiente de consanguinidad de los animales se utilizó el programa INBUPGF90 (Aguilar y Misztal, 2006), que calcula los coeficientes de consanguinidad utilizando un algoritmo recursivo asumiendo la endogamia distinta de cero para los padres desconocidos, como es presentado por Aguilar y Misztal (2008).

Para evaluar el comportamiento de los niveles de consanguinidad en función de los años se realizó un análisis de regresión, estimando los parámetros. Las comparaciones entre pendientes se basaron en la estimación del intervalo de confianza del 95%. Para el análisis se utilizó el procedimiento PROC REG de SAS v9.3 (SAS, Institute Inc, Cary, NC, EUA).

RESULTADOS

La consanguinidad promedio de la población analizada (422.563 animales) fue de 3,38%. En la tabla 1 se presenta la distribución de los animales según porcentaje de consanguinidad. Un porcentaje elevado de la población (95,39%) presentó un valor de consanguinidad menor a 6,25%. El 12,8% de los machos tienen valores de consanguinidad superiores al 6,25% mientras que en las hembras solo fue del 4,4%.

La figura 1 muestra el comportamiento de los valores medios de consanguinidad en función del año de nacimiento para el total de la población estudiada y los distintos grupos que la conforman. En hembras y machos del Registro de Pedigrí, los niveles de consanguinidad fueron ligeramente superiores (con promedios generales de 4% y 3,9% respectivamente) con respecto a la población total (3,4%), y con una pendiente mayor ($\beta=0,1860$ y $0,1879$, respectivamente). Observando los intervalos de confianza del 95% (tabla 2), las pendientes en los animales de pedigrí difieren de las hembras del Registro de Crías, indicando que la tasa de aumento de consanguinidad es mayor en los animales de pedigrí que en las vacas del rodeo general (RC).

Consanguinidad (%)	Población total		Hembras		Machos	
	Frecuencia	%	Frecuencia	%	Frecuencia	%
≤ 6.25	403072	95.39	397711	95.51	5361	87.17
6.25 - 12	17870	4.23	17137	4.12	733	11.92
12-25	766	0.18	713	0.17	53	0.86
³ 25	855	0.2	852	0.2	3	0.05
Total	422563		416413		6150	

Tabla 1. Frecuencia de animales según porcentaje de consanguinidad para la población.

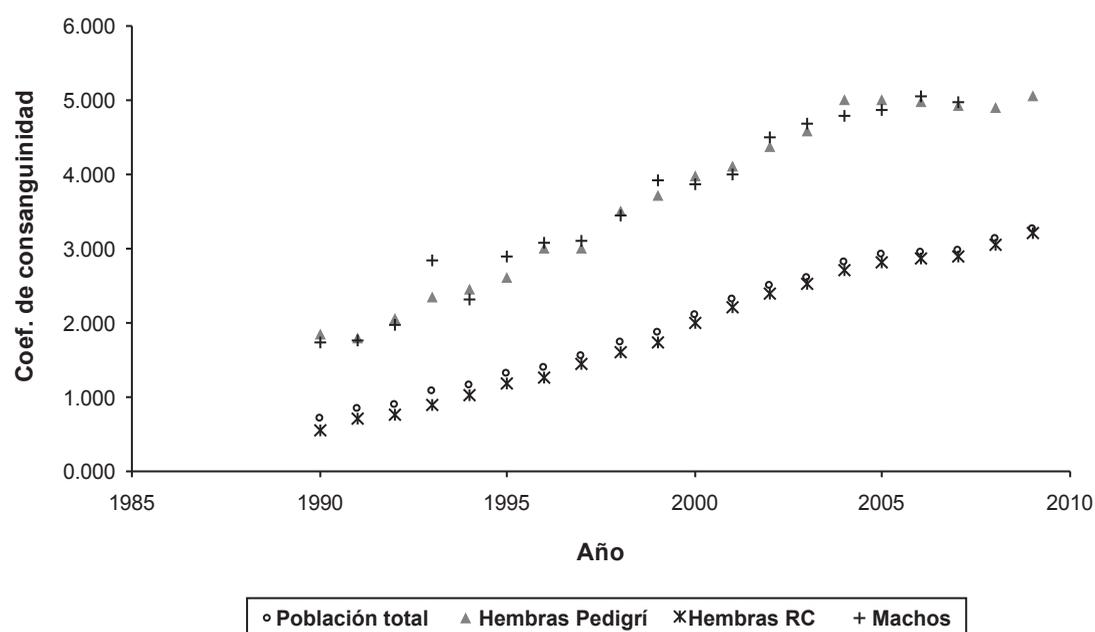


Figura 1. Promedio de consanguinidad en los distintos años para los diferentes grupos de animales que conforman la población.

Grupo de animales	b	e.e.	LI95%	LS95%	R ²
Población total	0.13362	0.00446	0.12425	0.14298	0.9804
Hembras Registro Crías	0.13409	0.00499	0.12361	0.14456	0.9757
Hembras Pedigrí	0.18604	0.00615	0.17312	0.19896	0.9807
Machos Pedigrí	0.18792	0.00576	0.1757	0.20013	0.9852

Tabla 2. Pendiente estimada (b) del coeficiente de consanguinidad en función de los años para los distintos grupos de animales que conforman la población con valores genéticos de producción.

DISCUSIÓN

Es sabido que en razas con poblaciones pequeñas uno de los problemas más importantes es el aumento del coeficiente de endogamia, que atenta con una reducción en la diversidad genética y la depresión endogámica.

La consanguinidad no se puede controlar si no se cuenta con registros exactos y confiables de los animales. Con la identificación precisa del animal, un programa de apareamiento puede ofrecer la solución para manejar adecuadamente los niveles de consanguinidad aceptados.

En Argentina, no han sido informados valores de consanguinidad para ganado lechero. Sin embargo, fueron publicados resultados para ganado de carne. De este modo, Cantet (2008) cuantificó el nivel de consanguinidad de 48 padres de toros Brangus nacidos entre 1971 y 1998, 36 nacidos en Argentina y 12 en EE. UU. obteniendo como resultado un solo toro argentino que alcanzó una consanguinidad de 6,25%, y los 35 restantes no consanguíneos.

Los promedios e incrementos de consanguinidad observados en los análisis de distribución y tendencia del presente trabajo fueron similares a los publicados por distintos autores para otras poblaciones de bovinos. Así, Ruiz Flores *et al.* (2006) indicaron una tendencia anual de la consanguinidad de la raza Suizo Europeo de 0,06% entre 1983 a 2002, menor a la observada en este trabajo de 0,134% por año para la población completa.

Hansen (2000) para la raza Holstein en Estados Unidos observó un aumento de la consanguinidad de 2,7%, en 1970, a 6,8% en el 2000. Algunos autores, ante el incremento en la consanguinidad en Holstein EE. UU. del 1,1% a 4,2% entre 1970 a 1998, advirtieron sobre la necesidad de reducir el nivel de parentesco de los toros para utilizar (Thompson *et al.*, 2000b). En este estudio se observó un aumento en la consanguinidad promedio para 1990 y 2009 de 2,19% y 4,66%, respectivamente.

Información obtenida del ganado de leche danés para el 2003 indicó valores promedios de consanguinidad de 3,9%, 3,4%, y 1,4% para Holstein, Jersey y Roja Danesa, respectivamente haciendo hincapié en que los resultados de ese estudio indican la necesidad del control de la endogamia en el futuro (Sorensen *et al.*, 2005).

Los valores de consanguinidad en la población Holando Argentino, inferiores respecto a la reportada por otros países para el 2007 (machos: 5,64%) y 2009 (población total: 4,66%; hembras de Registro de Pedigrí: 5,63%; hembras del Registro de Crías: 4,63%), pueden deberse a la gran diversidad de material genético que se importa al país, en donde aproximadamente el 56% del semen proviene de EE. UU., 30% del país, 13% de Canadá y el 1% restante de países como Nueva Zelanda y Holanda (Casanova *et al.*, 2004); incorporándose en los últimos años Alemania, Gran Bretaña, Italia y España (Área técnica de ACHA). Finalmente, también puede deberse a la falta de implementación de programas de selección.

Posteriormente, Van Doormaal (2016) indicó que los niveles de consanguinidad promedio para el año 2015 en las razas lecheras de Canadá eran variados, para Ayrshire de 6,22%, para Holstein de 7,10% y Jersey de 6,26%.

Miglior y Burnside (1995) observaron en la población Holstein de Canadá, entre los años 1976 a 1990, que más del 90% de los animales estudiados se concentraba por debajo de 6,25% de consanguinidad. En un estudio realizado en Chile fueron analizadas 157 vacas pedigrí registradas de un rebaño lechero doble propósito Overo Colorado del año 2001 el que arrojó que solo un 15,3% presentó algún nivel de consanguinidad superior a los niveles acep-

tados por la bibliografía internacional (Mujica *et al.*, 2012). En Brasil fue estimada un coeficiente de consanguinidad de 2,82% para ganado de leche Gyr, que incluía lactancias de 1960 a 2004 (Filho *et al.*, 2015). Thompson *et al.* (2000b) en Estados Unidos estimaron que más del 92% de las vacas mostró un nivel de endogamia menor al 6% mientras que para Argentina este estudio reflejó que más del 95% no alcanzaba ese porcentaje. En el estudio de Thompson *et al.* (2000b) el nivel de 6% fue utilizado para las comparaciones, debido a que en general un nivel de endogamia 6,25% es el resultado del apareamiento de un abuelo y su nieta, y muchos programas de selección a través de la inseminación artificial restringen a este nivel de endogamia. Del mismo modo, Hansen (2006) indicó que debería encontrarse por debajo del valor crítico de 6,25% de consanguinidad.

Es sabido que las corridas de homocigosis (ROH) han sido introducidas recientemente para el análisis de endogamia en diversos países y si bien este enfoque es más fiable que el cálculo a partir de datos de pedigrí, la falta de normas universales sobre la definición e identificación de ROH introduce un sesgo grave para tener en cuenta. El próximo paso sería investigar la inclusión de este método para complementar futuras estimaciones para la población nacional.

CONCLUSIÓN

De acuerdo a los resultados obtenidos puede concluirse que los animales de pedigrí presentan una tendencia anual superior al valor de las hembras de registro de cría siendo esta diferencia en promedio de una unidad porcentual.

La consanguinidad promedio actual de la población Holando Argentino (3,38%) es menor a la observada en poblaciones Holstein de otros países con lechería de relevancia, sin embargo, debido a su tendencia positiva se sugiere considerar estrategias para controlar su incremento y así mantener una variación genética adecuada en las características de importancia económica.

BIBLIOGRAFÍA

- ABDALLAH, J.M.; MCDANIEL, B.T. 2002. Proven and young Holstein bulls compared for daughter yields, productive life, somatic cell score, and inbreeding. *J. Dairy Sci* 85, 665-669.
- AGUILAR, I.; MISZTAL, I. 2006. INBUPGF90. Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay. University of Georgia, US.
- AGUILAR, I.; MISZTAL, I. 2008. Technical Note: Recursive Algorithm for Inbreeding Coefficients Assuming Nonzero Inbreeding of Unknown Parents. *American Dairy Science Association. J. Dairy Sci* 91, 1669-1672.
- CANTET, R.J.C. 2008. Consanguinidad y relación media de parentesco en los padres de toros Brangus. 31.º Congreso Argentino de Producción Animal. 15 al 17 de octubre de 2008. *Revista Argentina de Producción Animal*, 28: 1, 118-119.
- CARAVIELLO, D.Z. 2004. Inbreeding in dairy cattle. *The Babcock Institute*, 1-8.
- CASANOVA, D.; ANDERE, C.I.; RODRÍGUEZ, E.M.; BERGONZELLI, P. 2004. Argentine Genetic Evaluation. *Results of Bull*

- Performance. Performance Recording of Animals: State of the Art 2004. Proceedings of the 34th Annual ICAR Conference. Tunes. pp.185-193. (<http://dx.doi.org/10.3920/978-90-8686-536-9>).
- CASELL, B.G.; ADAMEC, V.; PEARSON, R.E. 2003. Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jerseys. *J. Dairy Sci* 86, 2967-2976.
- CROQUET, C.; MAYERES, P.; GILLON, A.; VANDERICK, S.; GENGLER, N. 2006. Inbreeding depression for global and partial economic indexes, production, type, and functional traits. *J. Dairy Sci* 89, 2257-2267.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. 1996. An introduction to quantitative genetics. 4.^a ed. Longman Pub. Londres, Reino Unido, p. 464.
- GRUNDY, B.; VILLANUEVA, B.; WOOLLIAMS, J.A. 1998. Dynamic selection procedures for constrained inbreeding and their consequences for pedigree development. *Genet. Res. Cambridge*. 72, 159-168.
- GRUNDY, B.; VILLANUEVA, B.; WOOLLIAMS, J.A. 2000. Dynamic selection for maximizing response with constrained inbreeding in schemes with overlapping generations. *Anim. Sci* 70, 373-382.
- HANSEN, L.B. 2000. Consequences of selection for milk yield from a geneticist's viewpoint. *J. Dairy Sci* 83, 1145-1150.
- HANSEN, L.B. 2006. Monitoring the Worldwide Genetic Supply for Dairy Cattle with Emphasis on Managing Crossbreeding and Inbreeding. En: Proceeding of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte (CD-ROM).
- HERMAS, S.A.; YOUNG, C.W.; RUST, J.W. 1987. Effects of mild inbreeding on productive and reproductive performance of Guernsey cattle. *J. Dairy Sci.*, 70, 712.
- MC PARLAND, S.; KEARNEY, J.F.; RATH, M.; BERRY, D.P. 2007. Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *J. Anim. Sci* 85, 322-331.
- MEUWISSEN, T.H.E. 1997. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci* 75, 934-940.
- MEUWISSEN, T.H.E.; SONESSON, A.K. 1998. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. *J. Anim. Sci* 76, 2575-2583.
- MIGLIOR, F.; BURSIDE, E. 1995. Inbreeding of Canadian Holstein cattle. *J. Dairy Sci.*, 78, 1163-1167.
- MIGLIOR, F.; BURSIDE, E.; DEKKERS, J. 1995. Nonadditive for somatic genetic effects and inbreeding depression cell counts of Holstein cattle. *J. Dairy Sci* 78, 1168-1172.
- MUJICA, F.; LATRILLE, L.; VERGARA, C. 2012. Estimación de la consanguinidad en un rebaño lechero doble propósito y su relación con rendimientos productivos y reproductivos: un estudio de caso en el Sur de Chile. *Agro sur* 40:1, 1-7.
- NEIRA, R. 1985. Introducción al estudio de la consanguinidad en animales. Serie publicación docente N.º 11. Santiago, Chile, p. 198.
- PRYCE, J.E.; HAILE-MARIAM, M.; GODDARD, M.E.; HAYES, B.J. 2014. Identification of genomic regions associated with inbreeding depression in Holstein and Jersey dairy cattle. *Genetics Selection Evolution*, 46:71. (Disponible: <http://www.gsejournal.org/content/46/1/71> verificado 08 de marzo de 2016).
- REIS FILHO, J.C.; VERNEQUE, R.S.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S.; RAIDAN, F.S.S.; TORAL, F.L.B. 2015. Inbreeding on productive and reproductive traits of dairy Gyr cattle. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 44:5, 174-179. (<https://dx.doi.org/10.1590/S1806-92902015000500002>).
- RUÍZ FLORES, A.; NÚÑEZ DOMÍNGUEZ, R.; RAMÍREZ VALVERDE, R.; DOMÍNGUEZ VIVEROS, J.; MENDOZA DOMÍNGUEZ, M.; MARTÍNEZ CUEVAS, E. 2006. Niveles y efectos de la consanguinidad en variables de crecimiento y reproductivas en bovinos tropicame y suizo europeo. *Agrociencia* 40, 289-301.
- SEWALEM, A.; KISTEMAKER, G.J. MIGLIOR, F.; VAN DOORMAAL, B.J. 2006. Analysis of inbreeding and its relationship with functional longevity in Canadian dairy cattle. *J. Dairy Sci* 89, 2210-2216.
- SMITH, L.; CASELL, B.; PEARSON, R. 1998. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. *J. Dairy Sci* 81, 2729- 2737.
- SONESSON, A.K.; GRUNDY, B.; WOOLLIAMS, J.A.; MEUWISSEN, T.H.E. 2000. Selection with control of inbreeding in populations with overlapping generations: A comparison of methods. *Anim. Sci* 70, 1-8.
- SORENSEN, A.; SORENSEN, M.; BERG, P. 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *J. Dairy Sci* 88, 1865-1872.
- THOMPSON, J.R.; EVERET, R.W.; HAMMERSCHMIDT, N.L. 2000b. Effects of inbreeding on production and survival in Holsteins. *J. Dairy Sci* 83, 1856-1864.
- THOMPSON, J.R.; EVERETT, R.W.; WOLFE, C.W. 2000a. Effects of inbreeding on production and survival in Jerseys. *J. Dairy Sci* 83, 2131-2138.
- VAN DOORMAAL, B. 2008. Demystifying inbreeding. Canadian Dairy Network. (Disponible: <http://www.cdn.ca/document.php?id=143> verificado 08 de marzo de 2016).
- VAN DOORMAAL, B. 2016. Inbreeding Update. Canadian Dairy Network. (Disponible: <https://www.cdn.ca/images/uploaded/file/Inbreeding%20Update%20-%20August%202016.pdf> verificado 10 de agosto de 2016).
- WEIGEL, K.A. 2001. Controlling inbreeding in modern breeding programs. *J Dairy Sci* 84, 177-E184.
- WEIGEL, K.A. 2006. Controlling Inbreeding in Modern Dairy Breeding Programs. *WCDS Advances in Dairy Technology* 18, 263-274.
- WEIGEL, K.A.; LIN, S.W. 2002. Controlling inbreeding by constraining the average relationship between parents of young bulls entering AI progeny test programs *J. Dairy Sci* 85, 2376-2383.
- WIGGANS, G.; VANRADEN, P.; ZUURBIER, J. 1995. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. *J. Dairy Sci* 78, 1584-1590.