

Evaluación de la Genealogía de Embriones Implantados Mediante Programas de Transferencia de Embriones

Herrera Ríos, Ana Cristina¹; Rodríguez Colorado, Nancy ^{2(*)}; Hernández Villamizar, Daniel Antonio²

¹Institucion Universitaria Digital de Antioquia, Facultad de Ciencias y Humanidades, Medellín, Colombia.

² Universidad Francisco de Paula Santander Seccional Ocaña, Departamento de Ciencias Pecuarias, Ocaña, Colombia.

Resumen: Los estudios de genealogías nacen del interés por aclarar el dilema "de dónde venimos y adónde vamos". Ante esta situación se comienza por consolidar los registros de padres, madres y abuelos (paternos y maternos) iniciando así un árbol genealógico. La falta de la consolidación del registro genealógico en los sistemas de producción se convierte en un impedimento para el análisis de pedigrí y la realización de evaluaciones genéticas. El objetivo de este estudio fue evaluar la genealogía de los animales involucrados en los apareamientos para la generación de embriones implantados, mediante la técnica de transferencia de embriones en el proyecto GESTAR. La base de datos contó con 741 registros de animales y una profundidad de 5 generaciones. Se utilizaron softwares, Pedigree Viewer versión 6.5 y CFC: Tool For Monitoring Genetic Diversity versión 1.0, para realizar análisis genealógicos, reenumerar los registros de los individuos y evaluar la profundidad del pedigrí. Resultados y conclusión: De los 741 registros de animales que comprenden 5 generaciones, se identificaron 551 progenies, 181 registros de padres y 282 de madres. Los registros clasificaron a 184 individuos fundadores y 557 no fundadores, 6 individuos con identificación de padre y 551 con padre y madre conocido, 74 grupos de hermanos completos con un tamaño promedio por familia de 3.72 animales, un máximo 20 y mínimo de 2, y 42 de identificados como consanguíneos. La genealogía evaluada presenta una alta conectabilidad entre los individuos y posee una adecuada profundidad para ser usada en programas de mejoramiento genético o de transferencia de embriones, aumentando así la confiabilidad de los valores genéticos y otros parámetros de interés.

Palabras clave: Consanguinidad, Inseminación artificial, Progenie.

Recibido: 21 de mayo de 2022. Aceptado: 27 de julio de 2022

Received: May 21st, 2022. Accepted: July 27th, 2022

Evaluation of The Pedigree of Embryos Implanted In Embryo Transfer Programs.

Abstract: Genealogy studies are born out of an interest in clarifying the dilemma "where we come from and where we are going." In this situation, the records of sire, dam and grandparents (paternal and maternal) are consolidated, thus initiating a genealogical tree. The lack of consolidation of the genealogical registry in the production systems becomes an impediment for the pedigree analysis and the performance of genetic evaluations. The objective this work is to evaluate the genealogy of the animals involved in the matings for the generation of implanted embryos, using the embryo transfer technique in the GESTAR project. The database had 741 animal records and a depth of 5 generations. Softwares, Pedigree Viewer version 6.5 and CFC: Tool For Monitoring Genetic Diversity version 1.0 were used to perform genealogical analysis, renumber the records of the individuals and evaluate the depth of the pedigree. Results and conclusions: Of the 741 records of animals that comprise 5 generations, 551 progeny were identified, 181 father's records and 282 records of mothers classified in 184 founding individuals and 557 non-founders, only 6 individuals with father identification and 551 with father and known mother, 74 groups of complete siblings with an average size per family of 3.72 animals, a maximum of 20 and a minimum of 2 and finally 42 of them were identified as consanguineous. The evaluated genealogy presents a high connectivity between individuals and has adequate depth to be used in genetic improvement or embryo transfer programs, thus increasing the reliability of breeding values and other parameters of interest.

Keywords: Consanguinity, Artificial insemination, Progeny.

(*) nrodriguez@ufps.edu.co

1. INTRODUCCIÓN

El estudio de la naturaleza genética de las poblaciones o genealogía nace del interés por aclarar el dilema "de dónde venimos y adónde vamos; y su progreso a través de las generaciones es el asiento para el estudio y desarrollo de programas de selección y conservación en especies animales y vegetales. (Chen *et al.*, 2011; Elzo *et al.*, 2015) El análisis de los datos genealógicos (registros de padres, madres, abuelos paternos y maternos), es un instrumento trascendental para consolidar la constitución genética de las poblaciones, para identificar variabilidad genética y describir la estructura de las generaciones; el conocimiento sobre dicha estructura es fundamental para la verificación de la efectividad en programas de conservación y mejoramiento genético (Honda *et al.* 2006; Korrida *et al.*, 2013). Además, es parte integral del manejo de la estructura de poblaciones y programas de mejora animal (Pjontek *et al.*, 2012; Szwaczkowski *et al.* 2007; Borowska y Szwaczkowski 2015).

Los elementos necesarios para realizar un estudio genealógico son: número efectivo de ancestros y contribuciones porcentuales de fundadores (Boichard *et al.*, 1997), tamaño efectivo de población y consanguinidad (Vasallo *et al.*, 1986; Gutiérrez *et al.*, 2003), coancestría y distancias genéticas (Gutiérrez y Goyache, 2005). La definición del número efectivo de ancestros depende del número de ascendientes (fundadores o no fundadores), que se requieren para revelar la constitución genética total de una población; para estimar este elemento se lleva en consideración que la contribución de los reproductores puede estar desequilibrada considerando, los posibles cuellos de botella que haya podido experimentar la población estudiada debido al uso excesivo de reproductores (Boichard *et al.*, 1997). Las consanguinidades se presentan cuando existen apareamientos entre animales relacionados, todos los animales de una misma raza en este sentido, toda la población está emparentada; sin embargo, se reserva el término de consanguinidad cuando el apareamiento se da entre animales más relacionados que el promedio de la población (Molina *et al.*, 1995; Bijma *et al.*, 2001). Algunas especies o razas revelan cambios en cuanto a una disminución en el rendimiento promedio de algunas características productivas, estos efectos negativos e indeseables se asocian a la consanguinidad (Burrow, 1993; Falcao *et al.*, 2001; Ruíz-Flores *et al.*, 2006).

En Colombia, existen pocos estudios sobre análisis de pedigrí en poblaciones bovinas por ejemplo el trabajo realizado en razas criollas por Martínez *et al.*, (2008). Por esta razón el análisis de la estructura y variabilidad genética de las poblaciones de animales domésticos debe ser una acción prioritaria de investigación en mejoramiento genético animal. Ya que permite prevenir pérdidas de diversidad genética en las poblaciones bovinas (Santana *et al.*, 2016) especialmente en poblaciones que se han sometido a procesos de selección (Sheikhlo y Abbasi 2016) y brinda mayor confiabilidad a las evaluaciones genéticas que se realizarán posteriormente mediante la inclusión de la matriz de parentesco basada en el pedigrí, la cual tiene en cuenta animales que carecen de información fenotípica, pero que están emparentados. (Amaya *et al.*, 2020). Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue

evaluar la estructura del pedigrí de los animales involucrados en los apareamientos para la generación de embriones implantados, mediante la técnica de transferencia de embriones en el proyecto GESTAR.

2. MATERIALES Y MÉTODOS

2.1 Base de datos

Dentro del proyecto GESTAR se recolectó información genealógica de hembras bovinas y toros donadores usados para el apareamiento dirigido por medio del proceso de transferencia de embriones en el centro de acopio ubicado en el municipio de puerto Boyacá. Se llevó a cabo el procedimiento de transferencia de embriones a 840 hembras bovinas receptoras provenientes de varias zonas del país, con embriones 5/8 Holstein por 3/8 Gyr y 1/2 Holstein por 1/2 Gyr. Se evaluaron 741 registros de animales del proyecto en mención. La base de datos comprende 5 generaciones, 551 progenies, 181 registros padres y 282 registros de madres clasificados en 184 individuos fundadores y 557 no fundadores. Los animales se encuentran ubicados en sistemas de producción a alturas que van desde los 225 hasta los 2700 m.s.n.m, con temperaturas promedio que varían entre los 12°C hasta los 28°C y precipitaciones entre los 921 y 2128 mm por año. Las pasturas predominantes son en su mayoría Brachiarias, Elefante (*Pennisetum purpureum*), Kinggrass morado (*Pennisetum purpureum x Pennisetum typhoides*), Maralfalfa (*Pennisetum purpureum x Pennisetum glaucum*), Estrella (*Cynodon nlemfuensis*), Guinea (*Megathyrus maximus*), Angleton (*Dichanthium aristatum*) y Kikuyo (*Pennisetum clandestinum*).

2.2 Análisis genético

Se utilizó el software Pedigree Viewer versión 6.5 (Kinghorn, 2010) para realizar el análisis de la genealogía y reenumerar los registros de los individuos y el software CFC: Tool For Monitoring Genetic Diversity versión 1.0 (Sargolzaei, 2006), con el propósito de calcular coeficientes y relaciones de consanguinidad, relaciones promedio dentro y entre grupos específicos de individuos, descomposición ancestral del promedio o del coeficiente de consanguinidad individual, descomposición ancestral de la coancestría promedio. También se cómputo el equivalente fundador y el número efectivo de no fundadores, con el fin de proporcionar información útil sobre la estructura del pedigrí. (Vilches *et al.*, 2018).

La integridad de la información del pedigrí se examinó utilizando equivalentes de generación discreta (ge) calculado según la fórmula dada por Boichard y col. (1997):

$$g_e = \sum_{j=1}^{n_j} \left(\frac{1}{2}\right)^{g_{ij}}$$

dónde:

n_j = número de ancestros conocidos del j^o individuo

g_{ij} = número de generaciones entre i^o ancestro y la j^o individuo

El coeficiente de consanguinidad individual F_i estaba estimado por la fórmula dada por Meuwissen y Luo (1992):

$$F_{ii} = A_{ii} - 1, A_{ii} = \sum_{i=1}^j L_{ij}^2 D_{jj}$$

dónde:

A_{ii} = la i -o elemento diagonal de relación aditiva matriz A

L_{ij} = fracción de alelos derivados de un ancestro

D_{jj} = matriz diagonal que contiene variaciones genéticas aditivas dentro de la familia

($D_{jj} = 1$, cuando ambos padres son desconocidos; $D_{jj} = 0,75 - F_{kj} / 4$, cuando solo uno de los padres k_j del j -th individuo es conocido; $D_{jj} = 0,5 - (F_{sj} + F_{dj}) / 4$ m, cuando ambos padres s_j y d_j son conocidos.)

3. RESULTADOS

El análisis de la población mostró que en 741 registros de animales que están distribuidos en 5 generaciones, 551 progenies, 181 registros padres y 282 registros de madres clasificados en 184 individuos fundadores y 557 no fundadores, solo 6 individuos con identificación de padre y 551 con padre y madre conocido, se identificaron 74 grupos de hermanos completos con un tamaño promedio por familia de 3.72 animales, un máximo 20 y mínimo de 2 y finalmente 42 de ellos fueron identificados como consanguíneos. Para los 42 animales se identificaron diferentes rangos de consanguinidad que se pueden observar en la Tabla 1.

Tabla 1. Distribución de la consanguinidad obtenida para los individuos de la genealogía del proyecto GESTAR.

Individuos	Consanguinidad
32	0.00 < F <= 0.05
7	0.05 < F <= 0.10
1	0.10 < F <= 0.15
1	0.20 < F <= 0.25
1	0.25 < F <= 0.30

Los 42 individuos muestran valores promedios de 0.043, solo un animal presentó un valor máximo de 0.25. Esto puede deberse a que los embriones son descendientes de semen de tan solo 8 toros. Lo que indica que en la futura población pueda existir un nivel mayor de consanguinidad. (Queiroz *et al.*, 1993). Se puede observar que los niveles de consanguinidad están aumentando, se recomienda tener cuidado en los futuros

apareamientos con el fin de mantener estos niveles estables ya que altos valores de endogamia pueden provocar pérdidas productivas por el efecto que tiene la llamada depresión endogámica ya que el uso intensivo de biotecnologías reproductivas, como la inseminación artificial, la transferencia de embriones y la fertilización *in vitro* conduce a un aumento de las progenies con relaciones cercanas (mayor tasa de natalidad de la mitad y hermanos completos) (Vanraden *et al.*, 1992; Hayes, 2007 ; Vargas y Gamboa, 2008). En este escenario, es importante controlar la endogamia ya que conduce a un aumento de la homocigosidad reduciendo la variabilidad genética poblacional y muchas veces afecta la supervivencia y fertilidad de los animales (depresión endogámica), provocando una disminución significativa en la eficiencia reproductiva de los rebaños. El coeficiente de endogamia promedio reportado por Queiroz *et al* (1993) en una población de bovinos de la raza Gir fue de 1.27% con aproximadamente 23% de animales endogámicos el autor los considero de baja magnitud, pero observó también una tendencia al aumento de la endogamia con el avance de las generaciones coincidiendo con los resultados obtenidos en esta investigación.

En la figura 1 se observa la estructura de la base de datos de registro genealógico de los animales pertenecientes al proyecto GESTAR, en general, se puede decir que la base de datos está bien conectada.

3.1 Análisis de estructura del pedigrí

Se identificaron 11 líneas ancestrales observadas en la Tabla 2, estas líneas son las más largas de la genealogía y poseen un buen número de animales en cada una de ellas lo que demuestra la adecuada conectividad de la genealogía. Es de resaltar que al aumentar la ruta el número de individuos por línea disminuye, sin embargo, en la ruta 9 se pueden observar un total de 103 individuos y el menor número de individuos por línea es de 19, lo que representa solo un 2.3% de la población estudiada, esto puede obedecer a que dicha población proviene de diferentes partes del país, pero descienden de 184 fundadores comunes. La línea de tiempo representada en la ruta más larga indica que esta población es antigua y que las conexiones existentes con los ancestros son más largas. Lamentablemente no existen reportes de estudios con los cuales se puedan comparar los resultados obtenidos.

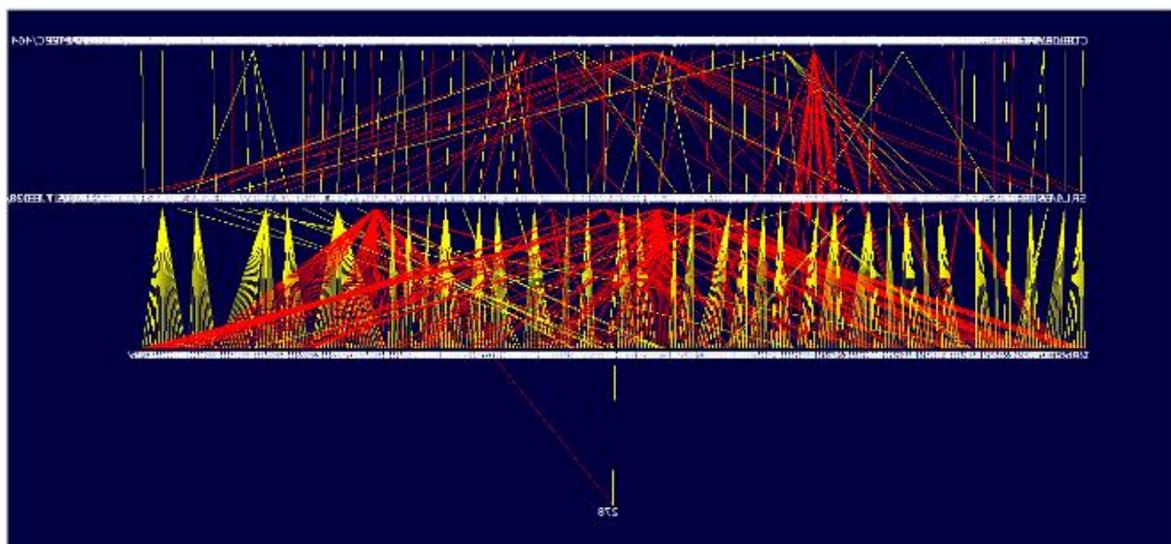


Figura 1. Estructura del pedigrí proyecto GESTAR

Tabla 2. Líneas ancestrales más largas

Ruta	Individuos
0	184
1	39
2	31
3	32
4	80
5	36
6	67
7	34
8	19
9	103
10	38
11	78

Se identificaron 15 grupos dentro del análisis de estructura de pedigrí, en los primeros 5 grupos podemos observar los animales consanguíneos, fundadores, individuos con genealogía completa y animales sin progenie. El grupo está identificado con una letra mayúscula y el total corresponde al número de individuos que hace parte de ese grupo (Tabla 3). Los resultados de este grupo son determinantes para la programación de apareamientos dirigidos (aparear individuos en los que se identificaron bajos niveles de endogamia) en un programa de mejoramiento genético ya que a la luz de los resultados se observa que los individuos endogámicos en la población estudiada fueron relativamente pocos representando un 5%, por lo que podría esperarse poca manifestación de la depresión endogámica; sin embargo, algunos individuos muestran niveles de endogamia entre 10 y 30%, posiblemente debido al uso más intensivo de pocos sementales, por lo que no es recomendable usar los fundadores en los futuros apareamientos con el fin de evitar el aumento de los niveles de endogamia. Diversos autores han reportado resultados intermedios con respecto a valores de F para bovinos de las razas Tropicarne y Suizo Europeo (Ruíz-Flores *et al.*, 2006), y en varias poblaciones pequeñas de bovinos (Alistana, Morucha, Pirenaica, Blanco Orejinegro, Romosinuano,

Marchigniana, Bonsmara, Charolais, Limousin y Simmental. (Gutiérrez *et al.*, 2003; Martínez *et al.*, 2008; Santana *et al.*, 2012; Kadlecík y Pavlík, 2012).

Tabla 3. Grupos de animales consanguíneos, fundadores, con genealogía completa y sin progenie.

Grupo	A	B	C	D	F
Total	741	42	184	551	278

A: Número de individuos, B: Número de consanguíneos, C: Número de fundadores, D: Número de individuos con ambos, padres conocidos, E: número de individuos sin progenie.

En el último grupo identificado se pueden observar (Tabla 4) las relaciones promedio de los individuos en la genealogía y el número de generaciones encontrando así que en promedio cada animal tiene una profundidad de 2.7 generaciones con un máximo de 6.3 lo que indica una buena profundidad del archivo genealógico. Conocer la profundidad del pedigrí es importante, ya que esto influye en la estimación de parámetros que son sensibles a la completitud de la información genealógica disponible (Boichard *et al.*, 1997). Estos son los primeros estudios realizados sobre estructura de pedigrí de poblaciones bovinas cruzadas en el país y obtenidas mediante procesos de transferencia de embriones. Sin embargo, los resultados muestran hallazgos interesantes sobre la profundidad y conectabilidad de la base de datos del proyecto GESTAR con miras a la inclusión del pedigrí en evaluaciones genéticas y genómicas, elemento fundamental para evaluar características de alta y media heredabilidad con poblaciones que presentan una cantidad suficiente de información productiva y genealógica. (Hayes y Goddard, 2010; Velásquez Mosquera *et al.*, 2016). Las relaciones entre individuos arrojados por los análisis sugieren buen conectabilidad de los

individuos en el pedigrí información que también se puede verificar en la Figura 1.

Tabla 4. Relaciones promedio de individuos y profundidad del pedigrí

Grupo	K	L	M	N	O
Total	0.025	0.024	2.714	6.273	0

K: Relaciones promedio de numerador (Recíprocos + Auto-relaciones), L: Relaciones de numerador promedio (se excluyen las relaciones con uno mismo), M: Número promedio de equivalentes de generación discreta (promedio de generaciones), N: número máximo de equivalentes de generación discreta, O: número mínimo de equivalentes de generación discreta.

El conocimiento del recurso animal y el uso de tecnologías de tipo reproductivo identifican factores que pueden llegar a ser fuente de variación para dichas características que a futuro potencializan el uso de animales genéticamente superiores mediante biotecnologías reproductivas (Bejarano, 2016). Estos programas se convierten en una herramienta que permite a los productores inseminar sus mejores vacas para reposición (vacas con mayor mérito genético) que podrán destinarse a la producción de crías hembras y el resto de las hembras a generar crías comerciales, garantizando en las hijas las madres de la siguiente generación de reemplazos, aumentando la respuesta en la tasa de selección, ya que se producirán más individuos con un número reducido de vacas elite. Se sugiere como estrategia el uso de los apareamientos dirigidos para mantener y optimizar el recurso genético animal que se tiene en los hatos aumentando la productividad y finalmente sus ingresos.

4. CONCLUSIONES

La genealogía evaluada presenta una alta conectabilidad entre los individuos y posee una adecuada profundidad para ser usada en programas de mejoramiento genético o de transferencia de embriones, aumentando la confiabilidad de los valores genéticos y otros parámetros de interés.

Según los valores de consanguinidad obtenidos para futuros apareamientos se deben mantener niveles estables de consanguinidad ya que el uso intensivo de biotecnologías reproductivas conduce a un aumento de progenies con relaciones cercanas y mayor tasa de natalidad de hermanos medio y hermanos completos y la estructura del pedigrí evidencia descendientes de tan solo 8 toros lo que indica que la futura población puede presentar mayores niveles de endogamia.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen al proyecto “Identificación y análisis de los factores genéticos, nutricionales y sanitarios que afectan los índices de gestación a partir de embriones in vitro en bovinos en el Departamento de Norte de Santander” identificado con el código BPIN 2018000100076 operado mediante Convenio Especial de Cooperación No. 00120 del 21 de junio de 2019 suscrito entre el Departamento de Norte de Santander y la Universidad Francisco de Paula Santander

Seccional Ocaña.

REFERENCIAS

- Amaya, M., Martínez, S., Cerón-Muñoz, M. (2020). Evaluaciones genéticas en bovinos por medio del uso del mejor predictor lineal insesgado genómico en una etapa. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 21(1), 19-31.
- Bejarano, D. (2016). Estudio de asociación genómica para características de crecimiento en las razas bovinas Criollas Blanco Orejinegro y Romosinuano. 183. <http://www.bdigital.unal.edu.co/54717/>.
- Boichard, D., Maignel, L., Verrier, É. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, 29: 5-23.
- Borowska, A., Szwaczkowski T. (2015). Pedigree analysis of Polish warm blood horses participating in riding performance tests. *Canadian Journal of Animal Science*, 95, 21–29.
- Bijma, P., Van Arendonk, J., Woolliams, J., (2001). Predicting rates of inbreeding for livestock schemes. *J. Anim. Sci.*, 79: 840- 853
- Burrow, H. (1993). The effects of inbreeding in beef cattle. *Anim. Breed. Abstr.*, 65: 477-495.
- Chen, J., Wang, Y., Zhang, Y., Sun, D., Zhang, S., Zhang, Y. (2011). Evaluation of breeding programs combining genomic information in Chinese Holstein. *Agricultural Sciences in China*, 10(12), 1949-1957. doi:10.1016/S1671-2927(11)60196-X.
- Elzo, M., Thomas, M., Johnson, D., Martinez, C., Lamb, G., Rae, D., Driver, J. (2015). Genetic parameters and predictions for direct and maternal growth traits in a multibreed Angus-Brahman cattle population using genomic-polygenic and polygenic models. *Livestock Science*, 178, 43-51. doi:10.1016/j.livsci.2015.06.015.
- Falcao, S., Filho M., Magnabosco, U., Bozzi, R., Lima, M. (2001). Efeitos da endogamia sobre características de reprodução, crescimento e valores genéticos aditivos de bovinos de raça Pardo-Suíça. *Rev. Bras. Zootecn.*, 30: 83-92.
- Gutiérrez, J., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Cañon, J., Piedrafita, J. (2003). Pedigree análisis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.*, 35: 43-63.
- Gutiérrez, J., Goyache, F. (2005). A note on ENDOG: a computer program for analysis pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122: 172-176.
- Hayes, B., and Miller, S., (2007). Mate selection strategies to exploit across-and-within-breed dominance variation. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 117:347-359.
- Hayes, B., Goddard, M. (2010). Genome-wide association and genomic selection in animal breeding. *Genome*, 53(11), 876–883. <https://doi.org/10.1139/G10-076>.

- Kadlecik, O., Pavlik I. (2012) Genealogical analysis in small populations: The case of four Slovak beef cattle breeds. *Slovak J Anim Sci* 45:111-117.
- Kinghorn, B., Kinghorn, A. (2010). *Pedigree Viewer 6.5*. University of New England, Armidale, Australia.
- Martínez, R., García, D., Gallego, J., Onofre, G., Pérez, J., Cañón, J. (2008). Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. *Journal of animal science*, 86(3), 545-552.
- Meuwissen, T., Luo Z. (1992). Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution*, 24, 305–313.
- Molina, A., Rodero, A., Valera, M. (1995). Análisis genético de los niveles de consanguinidad en la raza Retinta. *Arch. Zootec.*, 44: 257-265.
- Pjontek, J., Kadlecik, O., Kasarda, R., Horny M. (2012). Pedigree analysis in four Slovak endangered horse breeds. *Czech Journal of Animal Science*, 57, 54–64.
- Queiroz, S., Lobo, R., Martinez, M. (1993). Efeito da endogamia sobre algumas características de importancia económica na raça gir. *Rev bras zootec.*, v.22, p773-786.
- Ruíz-Flores, A., Núñez-Domínguez, R., Ramírez-Valverde, R., Domínguez-Viveros, J., Mendoza-Domínguez, M. y Martínez-Cuevas, E. (2006). Niveles y efectos de la consanguinidad en variables de crecimiento y reproductivas en bovinos Tropicarne y Suizo. *Agrociencia*, 40: 289-301.
- Santana, M., Oliveira, P., Eler, J., Gutiérrez, J., Ferraz J. (2012). Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchiguiana and Bonsmara breeds. *J Anim Sci*;90:99-108.
- Santana, M., Pereira, R., Bignardi, A., Ayres D., Menezes, G., Silva, L.(2016). Structure and genetic diversity of Brazilian Zebu cattle breeds assessed by pedigree analysis. *Livest Sci*;187:6-15.
- Sargolzaei, M., Iwaisaki, H., Colleau, J. (2006, August). CFC: A tool for monitoring genetic diversity. In *Proceedings of the 8th world congress on genetics applied to livestock production* (pp. 13-18). Belo Horizonte, Minas Gerais.
- Sheikhlou, M., Abbasi, M. (2016). Genetic diversity of Iranian Lori-Bakhtiari sheep assessed by pedigree analysis. *Small Ruminant Res*; 141:99-105.
- Szwaczkowski, T., Wezyk, S., Stanislawska-Barczak, E., Badowski, J., Bielinska, H., Wolc, A. (2007). Genetic variability of body weight in two goose strains under long-term selection. *Journal of Applied Genetics*, 48, 253–260.
- Vanraden, P., Lawlor, T., Hoeschele, I. (1992). Use of reproductive technology to estimate variances and predict effects of gene interactions. *Journal of Dairy Science* 75; 2892-290.
- Vargas, B. y Gamboa, G. (2008). Estimación de tendencias genéticas e interacción genotipo x ambiente en ganado lechero de costa rica. *Técnica Pecuaria en México* 46: 371-386.
- Vasallo, J., Díaz, C. y García M. (1986). A note on the population structure of the Avileña breed of cattle in Spain. *Livest. Prod. Sci.*, 15: 285-288.
- Vilches, L. (2018). *Métodos de numeración y remuneración genealógica*. Liber Factory
- Velásquez, J., Mendoza, G., Corrale, J., Parra, M., Medina, A., Izquierdo, C., González A, J. (2016). Association of morphometric measurements with rump fat in jumping horses in an equestrian school in Bogotá. *Revista de Medicina Veterinaria*, (32), 67-77.