

CONECTIVIDAD EN EVALUACIONES GENÉTICAS DE ANIMALES: 2. COMPARACIÓN DE METODOLOGÍAS

CONNECTEDNESS IN ANIMAL GENETIC EVALUATIONS: 2. COMPARISON OF METHODOLOGIES

Fabián Magaña-Valencia¹, Rafael Núñez-Domínguez^{1*},
Rodolfo Ramírez-Valverde¹, Felipe A. Rodríguez-Almeida²

¹Departamento de Zootecnia, Posgrado en Producción Animal, Universidad Autónoma Chapingo. Carretera México-Texcoco Km 38.5. 56230. Chapingo, Estado de México. (rafael.nunez@correo.chapingo.mx). ²Facultad de Zootecnia y Ecología, Universidad Autónoma de Chihuahua. Periférico Francisco R. Almada Km 1. 31031. Chihuahua, Chihuahua.

RESUMEN

El propósito de este estudio fue comparar los principales métodos para estimar la conectividad entre grupos contemporáneos (GC) en una población simulada, considerando una misma estructura de datos. Se simuló una población de 37 bovinos, de los cuales 15 tuvieron registros de peso al destete en uno de tres GC, en siete escenarios con diferente grado y tipo de conectividad (directa e indirecta). En cada escenario se realizaron contrastes entre los GC y se determinaron sus conectividades con 10 métodos cuantitativos. Los criterios para comparar los métodos fueron: capacidad para identificar GC desconectados, y conectados directa e indirectamente; y consistencia, definida como la relación entre el grado de conectividad obtenida y la simulada al aumentar progresivamente el número de reproductores en común entre GC, a través de los escenarios. Además, se obtuvieron coeficientes de correlación entre los grados de conectividad. Los métodos varianza del error de predicción de las diferencias en valores genéticos entre animales, flujo de genes, número de lazos genéticos directos totales debido a sementales y hembras comunes, e índice de conectividad mostraron tendencias en los valores de conectividad consistentes con el incremento en el número de sementales o vientres en común a través de los siete escenarios simulados. De estos métodos, sólo el de número de lazos genéticos directos detectó grupos contemporáneos desconectados, además de estar altamente correlacionado (-0.97) con la varianza del error de predicción de las diferencias en valores genéticos entre animales. Por tanto, se sugiere usar el método de número de lazos genéticos directos en evaluaciones genéticas rutinarias de bovinos.

ABSTRACT

The purpose of this study was to compare the main methods to estimate connectedness among contemporary groups (CG) in a simulated population, considering a single structure of data. A population of 37 cattle was simulated, of which 15 had records of weaning weight in one of three CG, in seven scenarios with different degrees and types of connectedness (direct and indirect). In each scenario contrasts were performed among the CG and their connectedness was determined with 10 quantitative methods. The criteria for comparing the methods were: capacity to identify CG disconnected, and connected directly or indirectly; and consistency, defined as the relationship between the degree of obtained *vs.* simulated connectedness by progressively increasing the number of sires and dams in common among CG, through the scenarios. In addition, correlation coefficients were obtained between the degrees of connectedness. The prediction error variance methods of the differences in genetic values among animals, gene flow, total number of direct genetic links due to common sires and dams, and connectedness index showed trends in connectedness values consistent with the increase in the number of sires or dams in common through the seven simulated scenarios. Of these methods, only that of number of direct genetic links detected disconnected contemporary groups, besides being highly correlated (-0.97) with the prediction error variance of the differences in genetic values among animals. Therefore, it is suggested to use the method of total number of direct genetic links in routine genetic evaluations of cattle.

*Autor responsable ❖ Author for correspondence.

Recibido: agosto, 2013. Aprobado: noviembre, 2013.

Publicado como ARTÍCULO en *Agrociencia* 47: 781-794. 2013.

Key words: genetic connectedness methods, genetic evaluation, animal model, simulation.

Palabras clave: métodos de conectividad genética, evaluación genética, modelo animal, simulación.

INTRODUCCIÓN

Cuando los valores genéticos de los animales en la población base están distribuidos al azar e idénticamente en toda la población, los grupos contemporáneos (GC) desconectados no producen predicciones sesgadas de valores genéticos (Fernando *et al.*, 1983). Sin embargo, esto no ocurre cuando ha habido selección o deriva genética antes de iniciar el control genealógico y de comportamiento de los animales, lo cual es común en poblaciones ganaderas y causa diferencias genéticas entre GC (Kuehn *et al.*, 2007). El modelo animal permite que todas las relaciones genéticas entre los animales contribuyan a la conectividad de los datos (Kennedy y Trus, 1993), aunque la calidad de las evaluaciones genéticas depende de numerosos factores, en particular de la estructura de los datos (Tosh and Wilton, 1994; Hanocq *et al.*, 1999; Carneiro *et al.*, 2001) y la confiabilidad de la comparación entre animales de diferentes GC (Laloë *et al.*, 1996; Mathur *et al.*, 2002; Roso *et al.*, 2004). Si estos GC no están conectados de manera apropiada, existe el riesgo de cuantificar diferencias ambientales entre GC como diferencias genéticas (Clément *et al.*, 2001; Kuehn *et al.*, 2007; Tarrés *et al.*, 2010). Lo anterior es muy importante cuando se consideran varias unidades de producción, como en las evaluaciones genéticas regionales, nacionales o internacionales, donde un paso preliminar rutinario es la determinación de conectividad entre los GC.

En México, durante la década más reciente se iniciaron programas de control de producción y de evaluaciones genéticas nacionales, principalmente en bovinos. Estas evaluaciones suponen la existencia de conectividad entre los GC, por lo que en esta etapa de los programas es pertinente verificar el grado de conectividad y el método más apropiado para evaluarla. Magaña-Valencia *et al.* (2012) presentaron un ensayo sobre los principales métodos disponibles para determinar los GC conectados genéticamente. Aunque se han comparado algunos métodos para determinar conectividad genética entre GC, no hay consenso en el método más eficiente y práctico (Kennedy y Trus, 1993; Kuehn *et al.*, 2007; Soga *et al.*, 2010). Por tanto, se debe compararlos considerando escenarios que

INTRODUCTION

When genetic values of animals in the base population are randomly and identically distributed throughout the population, disconnected contemporary groups (CG) do not cause biased predictions of genetic values (Fernando *et al.*, 1983). However, this does not occur when there has been selection or genetic drift before the start of genealogical and performance control of animals, which is common in livestock populations, and causing genetic mean differences among CG (Kuehn *et al.*, 2007). The animal model allows that all genetic relationships among animals contribute to the connectedness of the data (Kennedy and Trus, 1993), although the quality of genetic evaluations depends on numerous factors, in particular of the data structure (Tosh and Wilton, 1994; Hanocq *et al.* 1999; Carneiro *et al.*, 2001) and the reliability of the comparison between animals of different CG (Laloë *et al.* 1996; Mathur *et al.*, 2002; Roso *et al.*, 2004). If these CG are not connected genetically in an appropriate way, there is a risk of quantifying environmental differences among CG as genetic differences (Clément *et al.*, 2001; Kuehn *et al.*, 2007; Tarrés *et al.*, 2010). This is very important when considering several production units, as in regional, national or international genetic evaluations where a routine preliminary step is the determination of connectedness among the CGs.

In Mexico, during the most recent decade production control and national genetic evaluation programs, mainly in cattle, began. These evaluations assume the existence of connectedness between the CGs, so that at this stage of the programs is relevant to verify the degree of connectedness and the most appropriate method to evaluate it. Magaña-Valencia *et al.* (2012) presented a paper on the main available methods to determine the CGs connected genetically. Although some methods have been compared to determine genetic connectedness among CGs, there is no consensus on which is the most efficient and practical method (Kennedy and Trus, 1993, Kuehn *et al.*, 2007; Soga *et al.*, 2010). Therefore, it is required to compare them considering scenarios that vary in the degree and type of connectedness, with a same data structure, in order to identify the most sensitive to detect differences among the scenarios.

varíen en el grado y tipo de conectividad, y con una misma estructura de datos, con el fin de identificar los más sensibles para detectar las diferencias entre escenarios.

El objetivo de este estudio fue comparar los principales métodos para estimar la conectividad genética entre GC en una población simulada, considerando una misma estructura de datos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Una población fue simulada para peso al destete en bovinos para carne $h^2=0.28$, $\sigma_f^2=642 \text{ kg}^2$, $\sigma_e^2 / \sigma_a^2 = \lambda = 2.22$; donde, σ_f^2 es varianza fenotípica, σ_e^2 es varianza residual, σ_a^2 es varianza genética aditiva; promedio de parámetros estimados en evaluaciones genéticas nacionales de bovinos para carne en la Universidad Autónoma Chapingo. La población tenía 37 bovinos, de los cuales 13 fueron animales base (progenitores desconocidos) y 15 fueron crías con registro de comportamiento en uno de tres GC. Para contrastar diferentes grados y tipos de conectividad (directa e indirecta) entre los GC, siete escenarios se simularon aumentando *a priori* el número de sementales y vacas en común (Cuadro 1). Los pedigrís de los escenarios se muestran en el Apéndice 1.

En el escenario 1 (E1), los GC estuvieron desconectados; en el E2, GC1 y GC2 se conectaron vía descendientes del semental 2 (Apéndice 1); en E3 y E4, además de las conexiones anteriores, GC2 y GC3 se conectaron vía descendientes de uno y dos sementales (GC1 y GC2, y GC2 y GC3 estuvieron conectados directamente, y GC1 y GC3 indirectamente). En E5 a E7 los GC tuvieron dos, tres y cuatro sementales en común, y para ciertos contrastes, tuvieron una, dos y tres vacas en común.

Para comparar los grados de conectividad entre los GC, en los siete escenarios propuestos se usaron 10 métodos cuantitativos: promedio de las relaciones genéticas aditivas (PRGA; Banos

The objective of this study was to compare the main methods for estimating genetic connectedness among CG in genetic evaluations, and to identify the methods that adjust better the connectedness simulated in several scenarios, considering the same data structure.

MATERIALS AND METHODS

A population was simulated for weaning weight in beef cattle ($h^2=0.28$, $\sigma_f^2=642 \text{ kg}^2$, $\sigma_e^2 / \sigma_a^2 = \lambda = 2.22$; where σ_f^2 is phenotypic variance, σ_e^2 is residual variance, σ_a^2 is additive genetic variance; average of parameters estimated in national genetic evaluations of beef cattle at the University of Chapingo). The population had 37 cattle, of which 13 were base animals (parents unknown) and 15 were offspring with performance record in one of three CGs. To contrast different degrees and types of connectedness (direct and indirect) among the CGs seven scenarios were simulated increasing *a priori* the number of sires and dams in common (Table 1). The pedigrees of the scenarios are shown in Appendix 1.

In scenario 1 (S1), the CGs were disconnected; in S2, CG1 and CG2 were connected via sire 2 progeny (Appendix 1); in S3 and S4, in addition to the above connections, CG2 and CG3 were connected via progeny of one and two sires (CG1 and CG2, and CG2 and CG3 were connected directly and CG1 and CG3 indirectly). In S5 to S7, the CGs had two, three and four sires in common, and for some contrasts, had one, two and three dams in common.

To compare the degree of connectedness among the CGs, in the seven scenarios proposed 10 quantitative methods were used: average additive genetic relationships (AAGR; Banos and Cady, 1988), connectedness index (CI; Foulley *et al.*, 1992), coefficient of determination (CD; Laloč, 1993), prediction error variance (PEV) of the differences in genetic values among animals (Kennedy and Trus, 1993), gene flow (GF; Kennedy and

Cuadro 1. Número de sementales (SC) y vacas (VC) en común entre grupos contemporáneos (GC) para los siete escenarios (E) simulados.

Table 1. Number of sires (CS) and dams (CD) in common among contemporary groups (CG) for the seven scenarios (S) simulated.

Pares de GC	Reproductores	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7
GC1 y GC2	SC	0	1	1	1	2	3	4
	VC	0	0	0	0	0	0	1
GC2 y GC3	SC	0	0	1	2	2	3	4
	VC	0	0	0	0	1	2	3
GC1 y GC3	SC	0	0	0	0	2	3	4
	VC	0	0	0	0	1	2	3

y Cady, 1988), índice de conectividad (IC; Foulley *et al.*, 1992), coeficiente de determinación (CD; Laloč, 1993), varianza del error de predicción (VEP) de las diferencias en valores genéticos entre animales (Kennedy y Trus, 1993), flujo de genes (FG; Kennedy y Trus, 1993), varianza de la deriva genética (VDG; Kennedy y Trus, 1993), varianza de las diferencias entre efectos de GC (VdGC; Kennedy y Trus, 1993), grado de conectividad (GrC; Mathur *et al.*, 2002), correlación de las varianzas de los errores de predicción entre los valores genéticos (r_{ij} ; Lewis *et al.*, 1999), y número de lazos genéticos directos totales debido a sementales y hembras comunes (TLGD; Fries y Roso, 1997). Una descripción de los fundamentos y características de estos métodos fue publicada por Magaña-Valencia *et al.* (2012).

El modelo estadístico usado fue: $y = Xb + Za + e$, donde y es el vector de observaciones, b es el vector de efectos fijos de GC, a es el vector de efectos aleatorios de valores genéticos aditivos de los animales, e es el vector de efectos aleatorios residuales, y X y Z son matrices que asocian y con b y a , respectivamente. La varianza de e es $I\sigma_e^2$, y la varianza de a es $A\sigma_a^2$, donde I es la matriz idéntica y A es la matriz de relaciones genéticas aditivas entre los animales. Estas matrices se derivan de la información en el Apéndice 1 y las operaciones matriciales se realizaron con Microsoft Excel®.

Los criterios para comparar los métodos aplicados a los escenarios simulados fueron: capacidad para identificar GC desconectados, y conectados directa e indirectamente; y consistencia, definida como la relación entre el grado de la conectividad obtenido y la simulada al aumentar el número de reproductores en común entre GC desde E1 hasta E7. Además, con el propósito de tener una aproximación de la relación entre los métodos, se estimaron coeficientes de correlación entre los grados de conectividad obtenidos por cada par de métodos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la Figura 1 se muestra el patrón de los grados de conectividad para los tres contrastes entre GC, a través de los siete escenarios, obtenidos mediante el método VEP, donde los valores pequeños indican mayor conectividad. Según Kennedy y Trus (1993) y Roso *et al.* (2004), el promedio de la VEP entre animales de diferentes GC es la medida teórica más apropiada para estimar la conectividad entre GC. En el presente estudio, el método mostró cambios en los grados de conectividad que fueron consistentes con los simulados. Sin embargo, tuvo el inconveniente de no permitir identificar GC desconectados, pues por ejemplo para E1, donde los tres GC están desconectados, el método generó valores no

Trus, 1993), genetic drift variance (GDV; Trus Kennedy, 1993), variance of the differences between the effects of CG (VdCG; Kennedy and Trus, 1993), degree of connectedness (DC; Mathur *et al.*, 2002), correlation of prediction error variances between genetic values (r_{ij} ; Lewis *et al.*, 1999), and total number of direct genetic links due to common sires and dams (TDGL; Fries and Roso, 1997). A description of the rationale and characteristics of the methods used was published by Magaña-Valencia *et al.* (2012).

The statistical model used was: $y = Xb + Za + e$, where y is the vector of observations, b is the vector of fixed effects of CG, a is the vector of random effects of additive genetic values of animals, e is the vector of random residual effects, and X and Z are matrices that associate y with b and a , respectively. The variance of e is $I\sigma_e^2$, and the variance of a is $A\sigma_a^2$, where I is the identity matrix and A is the additive genetic relationship matrix among animals. These matrices are derived from the information in Appendix 1 and matrix operations were performed using Microsoft Excel® program.

The criteria used to compare the methods applied to the scenarios simulated were: ability to identify CGs disconnected and connected directly and indirectly; and consistency, defined as the relationship between the degrees of obtained vs. simulated connectedness by increasing the number of sires and dams in common among CGs from S1 to S7. Also for the purpose of having an approximation of the relationship between methods, coefficients of correlation between the degrees of obtained connectedness were estimated for each pair of methods.

RESULTS AND DISCUSSION

Figure 1 shows the pattern of the degree of connectedness for the three contrasts among CGs, through the seven scenarios, obtained by the PEV method, where smaller values indicate higher connectedness. According to Kennedy and Trus (1993) and Roso *et al.* (2004), the average of PEV among animals of different CGs is the theoretical measure more appropriate to estimate the connectedness among CGs. In the present study, the method showed changes in degrees of connectedness that were consistent with the simulated ones. However, had the disadvantage of not allowing to identify disconnected CGs, as for example S1, where the three CGs are disconnected, the method generated values that are not indicative of lack of connectedness. Roso *et al.* (2004) when assessing genetic connectedness among CGs with the PEV, DC, TDGL and VdCG

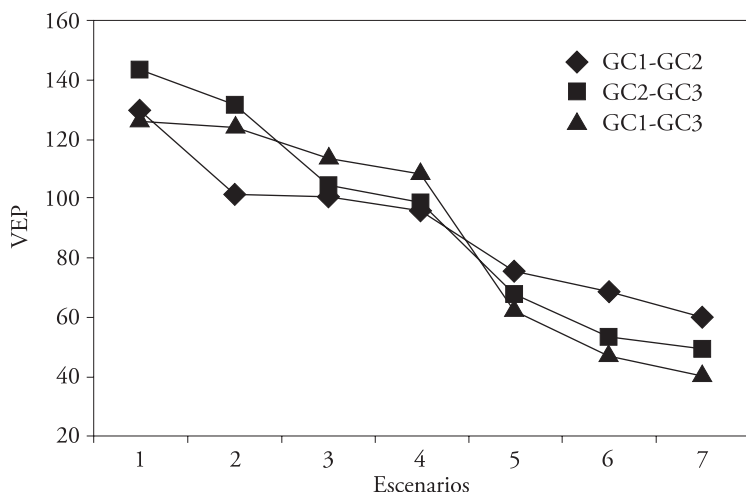


Figura 1. Conectividad con el método varianza del error de predicción de las diferencias en valores genéticos entre animales (VEP) para los contrastes entre tres grupos contemporáneos (GC), a través de siete escenarios.

Figure 1. Connectedness with the method prediction error variance (PEV) of the differences in genetic values among animals for contrasts among three contemporary groups (CG) through seven scenarios.

indicativos de ausencia de conectividad. Roso *et al.* (2004) al evaluar la conectividad genética entre GC con los métodos VEP, GrC, TLGD y VdGC, encontraron que el método VEP fue el más adecuado; pero el cómputo de este indicador fue lento y difícil de usar rutinariamente en evaluaciones genéticas nacionales.

Una tendencia similar a la de VEP fue observada en los métodos FG y VdGC, con relación a la consistencia entre los cambios en los grados de conectividad de acuerdo con los escenarios simulados; sin embargo, también tuvieron problemas para identificar apropiadamente GC desconectados (Cuadro 2). El método FG no permitió detectar GC conectados indirectamente, pues el grado de conectividad fue igual a 10.0, en E3 y E4, para el contraste GC1 vs. GC3. Además, en E3 el método de FG indicó que los GC2 y GC3 fueron los mejor conectados,

methods, found that the PEV method was the most suitable; but, the computation of this indicator was slow and difficult to apply routinely in national genetic evaluations.

A similar trend to that of PEV was observed in the methods GF and VdCG, with respect to the consistency among changes in the degrees of connectedness in accordance with the simulated scenarios; however, they also had problems to identify in an appropriate way CGs disconnected (Table 2). GF method did not allow to detect CGs indirectly connected, because the degree of connectedness was equal to 10.0, in S3 and S4, for the contrast CG1 vs. CG3. Furthermore, in S3 the method GF indicated that CG2 and CG3 were the best connected, contrary to what was observed for most of the applied methods. Although GF does not require to invert matrices, in practice it may be

Cuadro 2. Conectividad con los métodos flujo de genes (FG) y varianza de las diferencias entre efectos de grupos contemporáneos (VdGC), para los contrastes entre tres grupos contemporáneos (GC), a través de siete escenarios (E).

Table 2. Connectedness with the methods gene flow (GF) and variance of the difference between effects of contemporary groups (VdCG), for the contrasts among three contemporary groups (CG) through seven scenarios (S).

Método	Contraste	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7
FG	GC1 - GC2	10.0	8.5	8.5	8.0	5.5	4.5	4.0
	GC2 - GC3	9.0	8.3	6.3	6.0	3.3	0.8	0.5
	GC1 - GC3	11.0	11.0	10.0	10.0	5.5	3.0	1.5
VdGC	GC1 - GC2	296.3	268.7	268.1	262.5	241.7	235.4	226.4
	GC2 - GC3	322.6	310.8	283.7	278.6	247.5	232.2	229.3
	GC1 - GC3	273.1	272.6	260.4	255.2	209.5	193.9	187.7

contrario a lo observado para la mayoría de los métodos aplicados. Aunque FG no requiere invertir matrices, en la práctica puede ser difícil identificar animales fundadores (matriz Q) y obtener la matriz T (matriz triangular inferior que traza el flujo de genes de una generación a la siguiente), sobre todo para bases de datos grandes, por lo que este método no es recomendable para datos de campo. El método VdGC fue inconsistente entre contrastes de GC, ya que con excepción de E2, la magnitud de los grados de conectividad sugirió que los mejor conectados fueron GC1 y GC3, lo que es contrario a lo simulado. Con este método se pueden inferir los GC desconectados desde la matriz de varianzas de los errores de predicción (elementos fuera de la diagonal=cero), e identificar los grupos conectados indirectamente; sin embargo, el valor de conectividad para éstos es algunas veces mayor que el de los GC conectados directamente, como se observó en E3 y E4 del presente estudio.

En la Figura 2 se muestra el patrón del grado de conectividad para los tres contrastes entre GC, a través de los siete escenarios, obtenidos mediante el método r_{ij} , el cual presentó grados de conectividad consistentes con los escenarios simulados. Sin embargo, al pasar del E6 a E7 hubo un descenso en los grados de conectividad, a pesar de que E7 se simuló con mayor conectividad que E6 (un semental y una vaca más), lo que refleja inconsistencia del método. El método r_{ij} sí detectó conectividades indirectas, por ejemplo entre GC1 y GC3, pues aunque con valores bajos, el grado de conectividad fue diferente de cero en E3 (-0.0018) y E4 (0.002), lo cual fue consistente con estos escenarios simulados. Kuehn

difficult to identify founder animals (matrix Q) and obtain the matrix T (lower triangular matrix that traces the flow of genes from one generation to the next), especially for large databases, so this method is not recommended for field data. The method VdCG was inconsistent between CG contrasts, because except for S2, the magnitude of the degrees of connectedness suggested that the best connected were CG1 and CG3, which is contrary to the simulation. With this method it can be inferred the CGs disconnected from the covariance matrix of the prediction errors (off-diagonal elements=zero), and identify indirectly connected groups; however, the value of connectedness for these is sometimes greater than that of the directly connected CGs, as seen in S3 and S4 of the present study.

Figure 2 shows the pattern of the degree of connectedness for all three contrasts among CGs through the seven scenarios, obtained by the method r_{ij} , which presented degrees of connectedness consistent with the simulated scenarios. However, going from S6 to S7 there was a decrease in the degrees of connectedness, despite the fact that S7 was simulated with more connectedness than S6 (a sire and one more dam), reflecting the method inconsistency. The method r_{ij} did detect indirect connectedness, for example between CG1 and CG3, because even with lower values, the degree of connectedness was different from zero in S3 (-0.0018) and S4 (0.002), which was consistent with these simulated scenarios. Kuehn *et al.* (2008) evaluated changes in connectedness in several scenarios with sheep, comparing PEV and r_{ij} , and found that r_{ij} was more consistent to measure the risk of biases in

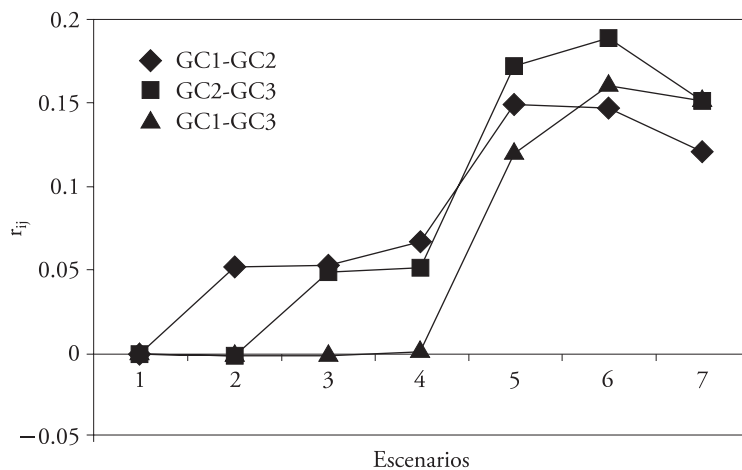


Figura 2. Conectividad con el método correlación de las varianzas de los errores de predicción entre los valores genéticos (r_{ij}) para los contrastes entre tres grupos contemporáneos (GC), a través de los escenarios considerados.

Figure 2. Connectedness with the method correlation of prediction error variances between genetic values (r_{ij}) for the contrasts among three contemporary groups (CG) through the scenarios considered.

et al. (2008) evaluaron cambios de conectividad en varios escenarios con ovinos, comparando VEP y r_{ij} , y encontraron que r_{ij} fue más consistente para medir el riesgo de sesgos en las comparaciones de valores genéticos predichos entre rebaños; valores de 0.05 fueron de buena conectividad y 0.10 excelente, permitiendo tomar decisiones de selección entre rebaños. Con estos valores de conectividad se eliminaron aproximadamente 80 y 90 % de los sesgos iniciales debidos a diferencias en las medias genéticas entre los GC, respectivamente. Similarmente, Soga *et al.* (2010) compararon cuatro medidas de conectividad (VEP, GrC, r_{ij} y porcentaje de sementales comunes) para determinar la más apropiada, al evaluar los riesgos asociados en la comparación de valores genéticos predichos en cerdos Duroc a través de piaras; aunque GrC, r_{ij} y porcentaje de sementales comunes estuvieron altamente correlacionadas (>0.96), r_{ij} fue considerada la más apropiada por su facilidad de cómputo.

Una tendencia similar a la de r_{ij} fue observada en los métodos PRGA, VDG y GrC, con relación a la consistencia entre los cambios en los grados de conectividad de acuerdo con los escenarios simulados, de E1 a E6 (Cuadro 3). Adicionalmente, los métodos PRGA y VDG no permitieron detectar GC conectados indirectamente, pues el grado de conectividad fue igual a cero en E3 y E4 para el contraste GC1 vs GC3; por el contrario, el método GrC sí detectó conectividades indirectas entre GC1 y GC3, ya que el grado de conectividad fue diferente de cero en E3 (-0.2) y E4 (0.3), lo cual fue consistente

the comparisons of predicted genetic values among flocks; 0.05 values were of good connectedness and 0.10 excellent, allowing to take selection decisions among flocks. With these values of connectedness, it was approximately eliminated 80 and 90 % of the initial bias due to mean genetic differences among the CGs, respectively. Similarly, Soga *et al.* (2010) compared four measures of connectedness (PEV, DC, r_{ij} and percentage of common sires) to determine the most appropriate, when assessing the risks associated in the comparison of predicted genetic values in Duroc pigs across swine herds; although DC, r_{ij} and percentage of common sires were highly correlated (>0.96), r_{ij} was considered the most appropriate for its ease of computation.

A similar trend to that of r_{ij} was observed in the AAGR, GDV and DC methods in relation to the consistency between changes in the degrees of connectedness in accordance with the simulated scenarios, from S1 to S6 (Table 3). Additionally, the methods AAGR and GDV were unable to detect indirectly connected CGs, because the degree of connectedness was equal to zero in S3 and S4 for CG1 vs. CG3; on the contrary, the method DC did detect indirect connectedness between CG1 and CG3, since the degree of connectedness was different from zero in S3 (-0.2) and S4 (0.3), which was consistent with the simulated scenarios. The method AAGR does not requires the inverse matrix CZZ and Hao *et al.* (2004) recommend its use because it is a direct measure of connectedness and can be

Cuadro 3. Conectividad con los métodos promedio de relaciones genéticas aditivas (PRGA), varianza de la deriva genética (VDG) y grado de conectividad (GrC, %) para los contrastes entre tres grupos contemporáneos (GC), a través de siete escenarios (E).

Table 3. Connectedness with the methods average of additive genetic relationships (AAGR), genetic drift variance (GDV) and degree of connectedness (DC, %) for the contrasts among three contemporary groups (CG), through seven scenarios (S).

Método	Contraste	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7
PRGA	GC1 - GC2	0.000	0.043	0.043	0.057	0.124	0.118	0.091
	GC2 - GC3	0.000	0.000	0.038	0.038	0.144	0.150	0.113
	GC1 - GC3	0.000	0.000	0.000	0.000	0.096	0.123	0.115
VDG	GC1 - GC2	0.000	0.130	0.130	0.174	0.364	0.374	0.348
	GC2 - GC3	0.000	0.000	0.113	0.117	0.425	0.501	0.449
	GC1 - GC3	0.000	0.000	0.000	0.000	0.352	0.478	0.495
GrC	GC1 - GC2	0.000	5.5	5.5	7.2	15.3	15.2	12.8
	GC2 - GC3	0.000	0.000	4.7	5.0	16.7	18.5	15.0
	GC1 - GC3	0.000	0.000	-0.2	0.3	13.9	18.4	17.8

con los escenarios simulados. El método PRGA no requiere la matriz inversa CZZ y Hao *et al.* (2004) recomiendan su uso porque es una medida directa de conectividad y se puede implementar fácilmente, pero los valores de conectividad en el presente estudio no fueron consistentes del E6 al E7. Respecto al método GrC, Hao *et al.* (2004) consideran que su desventaja es la capacidad computacional requerida para su determinación; además, según Mathur *et al.* (2002) y Roso *et al.* (2004), el GrC decrece linealmente cuando disminuye el tamaño de grupo, lo que puede favorecer a los grupos grandes.

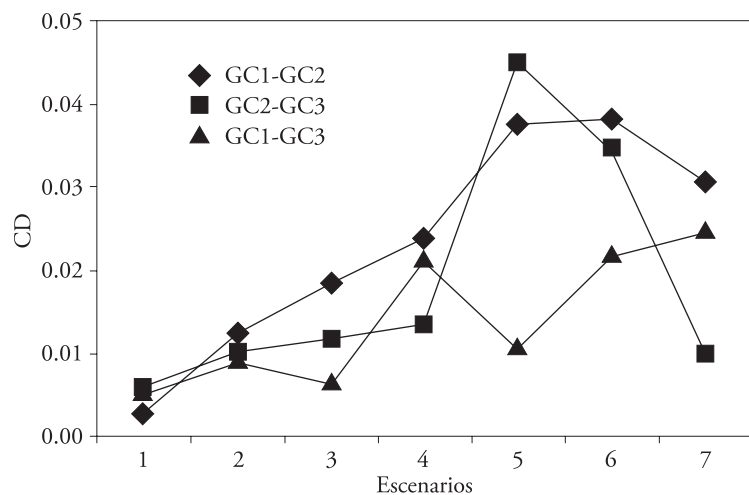
En la Figura 3 se muestran los grados de conectividad generados con el método CD, los cuales tuvieron un patrón inconsistente con los escenarios de conectividad simulados; por ejemplo, para el contraste entre GC1 y GC3 en E3 y E5, la conectividad disminuyó con respecto a E2 y E4, contrario a lo esperado. Otro inconveniente fue que el método no permitió identificar GC desconectados; por ejemplo, en E1 todos los GC están desconectados, pero el método generó valores mayores que cero y diferentes entre sí. A pesar de estas desventajas observadas en el presente estudio, algunos autores reportan ventajas considerando otros atributos. Laloë *et al.* (1996) compararon los métodos IC, VEP y CD como indicadores de la calidad de las evaluaciones genéticas y encontraron que el CD combinó la estructura de los datos y la cantidad de información, proveyendo un balance entre la reducción de la varianza de errores de predicción y la pérdida de variabilidad debida a las relaciones genéticas entre animales, por lo cual señalan que CD fue el mejor método para evaluar la precisión de

easily implemented, but the connectedness values in the present study were not consistent from S6 to S7. Regarding the method DC, Hao *et al.* (2004) consider that its disadvantage is the computational capacity required for its determination; in addition, according to Mathur *et al.* (2002) and Roso *et al.* (2004), the DC decreases linearly when group size decreases, which may favor large groups.

Figure 3 shows the degree of connectedness generated by the method CD, which had an inconsistent pattern with simulated connectedness scenarios; for example, for the contrast between CG1 and CG3 in S3 and S5, connectedness decreased from S2 and S4, contrary to expectations. Another drawback was that the method was unable to identify disconnected CGs, for example, in S1 all CGs are disconnected, but the method generated values higher than zero and different among them. Despite these disadvantages observed in the present study, some authors report advantages considering other attributes. Laloë *et al.* (1996) compared the methods CI, PEV and CD as indicators of the quality of genetic evaluations and found that the CD combined data structure and the amount of information, providing a balance between the reduction of the prediction error variance and loss of variability due to genetic relationships among animals, which indicate that CD was the best method to assess the accuracy of a genetic evaluation. Kuehn *et al.* (2007) simulated various scenarios to identify strategies, establish connectedness and reduce potential biases in the comparison of predicted genetic values of animals in different CGs. These authors used r_{ij} , and CD

Figura 3. Conectividad con el método coeficiente de determinación (CD) para los contrastes entre tres grupos contemporáneos (GC), a través de siete escenarios.

Figure 3. Connectedness with the method coefficient of determination (CD) for the contrasts among the three contemporary groups (CG) through seven scenarios.



una evaluación genética. Kuehn *et al.* (2007) simulon varios escenarios para identificar estrategias, establecer conectividad y reducir los sesgos potenciales en la comparación de valores genéticos predichos de animales en diferentes GC. Estos autores usaron r_{ij} , GrC y CD y encontraron que sólo CD mantuvo una relación con los sesgos entre escenarios, siendo una medida directa de la reducción proporcional de sesgos; por el contrario, r_{ij} y GrC variaron dependiendo del tipo de conexión.

Además, la aplicación rutinaria de CD en las evaluaciones genéticas con muchos datos puede ser difícil porque se requiere la matriz inversa C^{ZZ} de las ecuaciones de modelos mixtos; sin embargo, Fouilloux y Laloë (2001) sugirieron métodos de muestreo y análisis para superar esta dificultad. Fouilloux *et al.* (2008) propusieron otro método que incluye: 1) calcular el CD de comparaciones entre grupos de animales usando muestreo para estimar varianzas empíricas y predecir valores genéticos de una muestra simulada; y 2) formar grupos de hatos conectados. Este procedimiento fue utilizado por Tarrés *et al.* (2010) para determinar conectividad en poblaciones de bovinos para carne que usan monta natural.

En la Figura 4 se muestran los grados de conectividad con el método TLGD, para los contrastes entre los tres GC y a través de los siete escenarios simulados. El método generó valores de conectividad consistentes con los escenarios simulados, por lo que muestra ser un buen indicador de conectividad; pero no permitió identificar GC conectados indirectamente. Según Roso *et al.* (2004), TLGD demanda menos capacidad de cómputo y

and found that only CD had a relationship with biases among scenarios, being a direct measure of the proportional reduction of bias, on the contrary, r_{ij} and DC varied depending on the connection type.

In addition, the routine application of CD in genetic evaluations with many data can be difficult because it requires the inverse matrix C^{ZZ} of the mixed model equations; but Fouilloux and Laloë (2001) suggested sampling methods and analysis to overcome this difficulty. Fouilloux *et al.* (2008) proposed another method that includes: 1) calculate the CD of comparisons among groups of animals using sampling to estimate empirical variances and predict genetic values of a simulated sample; and 2) form groups of connected herds. This procedure was used by Tarrés *et al.* (2010) to determine connectedness in beef cattle populations using natural mating.

Figure 4 shows the degrees of connectedness with the TDGL method for the contrasts among the three CGs and through the seven simulated scenarios. The method generated values of connectedness which are consistent with the simulated scenarios so it shows to be a good indicator of connectedness; but it did not identify indirectly connected CGs. According to Roso *et al.* (2004), TDGL requires less computing capacity and can be used in genetic evaluation for measuring connectedness. These authors compared the methods VdCG, DC and TDGL in terms of coefficient of determination for predicting the average PEV of each CG with the others, and found that TDGL (76 %) was better predictor than DC (73 %) and VdCG (50 %); when the models predicted the average PEV for each pair

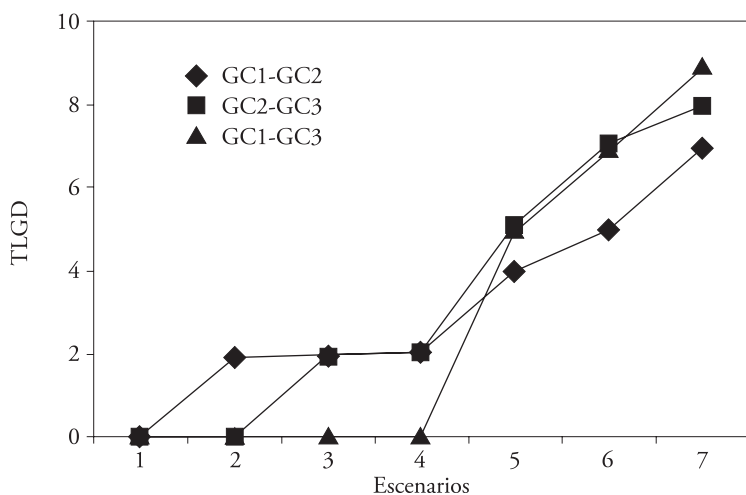


Figura 4. Conectividad con el método número de lazos genéticos directos totales debido a sementales y hembras comunes (TLGD), para los contrastes entre tres grupos contemporáneos (GC), a través de los escenarios considerados.

Figure 4. Connectedness with the method total number of direct genetic links due to common sires and dams (TDGL) for the contrasts among three contemporary groups (GC), through the scenarios considered.

se puede usar en evaluaciones genéticas para medir la conectividad. Estos autores compararon los métodos VdGC, GrC y TLGD en términos del coeficiente de determinación para predecir la VEP promedio de cada GC con los demás, y encontraron que TLGD (76 %) fue mejor predictor que GrC (73 %) y VdGC (50 %); cuando los modelos predijeron la VEP promedio para cada par de GC, TLGD (71 %) fue mejor predictor que GrC (49 %) y VdGC (51 %). Además, depende menos del tamaño de grupo que otros métodos, como el GrC, pero según Hao *et al.* (2004) tiene desventajas teóricas que se deben estudiar para su aplicación en datos de campo.

En el Cuadro 4 se muestran los grados de conectividad con el método IC, para los contrastes entre los tres GC y a través de los siete escenarios simulados. Similar a lo observado con TLGD, el método IC generó valores de conectividad consistentes con los escenarios simulados, pero no permitió identificar GC desconectados. Por ejemplo, en E1 todos los GC están desconectados, pero el método generó valores mayores que cero (0.54 a 0.56). A diferencia de los métodos PRGA, VDG, GrC y r_{ij} , los métodos IC y TLGD sí mostraron valores de conectividad mayores al pasar de E6 a E7, lo que es consistente con el aumento en el número de animales emparentados. Al comparar dos estructuras de datos completas y balanceadas, pero diferentes en el número de crías, el IC fue de uno en ambos casos, por lo que sólo responde a la estructura de los datos, sin considerar la cantidad de información (Hanocq *et al.*, 1999).

Con el propósito de tener una aproximación de la relación teórica entre los métodos aplicados en este estudio, en el Cuadro 5 se muestran los estimadores de coeficientes de correlación simple entre los métodos de conectividad. El coeficiente de correlación entre la mayoría de los métodos fue alto ($>|0.9|$), excepto para el método CD y algunas combinaciones

de CG, TDGL (71 %) was a better predictor than DC (49 %) and VdCG (51 %). It also depends less on group size than other methods, such as DC, but according to Hao *et al.* (2004) has theoretical disadvantages to be studied for application to field data.

Table 4 shows the degrees of connectedness with the CI method for the contrasts among the three CGs and through seven simulated scenarios. Similar to that observed with TDGL, method CI generated values of connectedness consistent with simulated scenarios, but was unable to identify disconnected CG. For example, in S1 all CGs are disconnected, but the method generated values higher than zero (0.54 to 0.56). Unlike the methods AAGR, GDV, CD and r_{ij} , the methods CI and TDGL did show higher values of connectedness going from S6 to S7, which is consistent with the increase in the number of related animals. When comparing two complete and balanced data structures, but differing in the number of offspring, the CI was of one in both cases, so that it only responds to the data structure, regardless of the amount of information (Hanocq *et al.*, 1999).

In order to have an approximation of the theoretical relationship between the methods used in this study, Table 5 shows the estimators of simple correlation coefficients between the methods of connectedness. The correlation coefficient between the majority of the methods was high ($>|0.9|$), except for the method CD and some combinations with the method VdCG. Correlation between the PEV values with TDGL and CI was high (-0.97) and less with GF (0.91), the latter value is higher than that reported (0.67) by Kennedy and Trus (1993). The correlation between DC and r_{ij} in this study was high (0.99) and similar to that estimated by Soga *et al.* (2010). The CD was the least consistent with changes in simulated connectedness; in

Cuadro 4. Conectividad con el método índice de conectividad (IC), para los contrastes entre tres grupos contemporáneos (GC), a través de siete escenarios (E).

Table 4. Connectedness with the method connectedness index (CI) for the contrasts among three contemporary groups (CG) through seven scenarios (S).

Contraste	E1	E2	E3	E4	E5	E6	E7
GC1 - GC2	0.56	0.62	0.62	0.63	0.69	0.71	0.74
GC2 - GC3	0.56	0.57	0.63	0.64	0.73	0.77	0.78
GC1 - GC3	0.54	0.54	0.56	0.57	0.70	0.75	0.78

Cuadro 5. Coeficientes de correlación simple entre los grados de conectividad determinados en los métodos[†] pareados.
Table 5. Simple correlation coefficients between the degrees of connectedness determined in pair methods[†].

Método	VEP	FG	VdGC	r_{ij}	PRGA	VDG	GrC	CD	TLGD
FG	0.913	1	0.704	-0.923	-0.905	-0.941	-0.918	-0.583	-0.948
VdGC	0.917	0.704	1	-0.791	-0.772	-0.841	-0.833	-0.510	-0.852
r_{ij}	-0.944	-0.923	-0.791	1	0.998	0.989	0.994	0.760	0.927
PRGA	-0.928	-0.905	-0.772	0.998	1	0.980	0.990	0.781	0.905
VDG	-0.969	-0.941	-0.841	0.989	0.980	1	0.995	0.690	0.966
GrC	-0.959	-0.918	-0.833	0.994	0.990	0.995	1	0.730	0.943
CD	-0.642	-0.583	-0.510	0.760	0.781	0.690	0.730	1	0.571
TLGD	-0.968	-0.948	-0.852	0.927	0.905	0.966	0.943	0.571	1
IC	-0.972	-0.977	-0.808	0.959	0.943	0.978	0.963	0.640	0.981

[†]PRGA=promedio de las relaciones genéticas aditivas, IC=índice de conectividad, CD=coeficiente de determinación, VEP=varianza del error de predicción de las diferencias en valores genéticos, FG=flujo de genes, VDG=varianza de la deriva genética, VdGC=varianza de las diferencias entre efectos de grupos contemporáneos, GrC=grado de conectividad, r_{ij} =correlación de las varianzas de los errores de predicción entre valores genéticos, TLGD=número de lazos genéticos directos totales debidos a sementales y hembras comunes ❖
[†]AAGR=average of the additive genetic relationships, CI=connectedness index, CD=coefficient of determination, PEV=prediction error variance of the differences in genetic values, GF=gene flow, GDV=genetic drift variance, VdCG=variance of the differences between effects of contemporary groups, DC=degree of connectedness, r_{ij} =correlation of the prediction error variances between genetic values, TDGL=total number of direct genetic links due to common sires and dams.

con el método VdGC. La correlación entre los valores de conectividad de VEP con TLGD e IC fue alta (-0.97) y menor con FG (0.91); este último valor es mayor que el reportado (0.67) por Kennedy y Trus (1993). La correlación entre GrC y r_{ij} en el presente estudio fue alta (0.99) y similar a la estimada por Soga *et al.* (2010). El CD fue el menos consistente con los cambios en conectividad simulados; además, su correlación con la VEP fue baja (-0.58). La correlación en el presente estudio entre TLGD y el GrC fue 0.94, superior a la reportada (0.86) por Roso *et al.* (2004); además, TLGD mostró una alta asociación con VEP y VdGC (-0.97 y -0.85), valores superiores a los publicados (-0.66 y -0.64) por Roso *et al.* (2004).

Un método para determinar conectividad debe identificar GC desconectados, y conectados directa e indirectamente; además, debe generar valores consistentes de conectividad, ser fácil de aplicar e interpretar. Magaña-Valencia *et al.* (2012) describieron los atributos de los 10 métodos cuantitativos comparados en el presente estudio, en términos de la escala de medición, valores que representan mejor conectividad, requerimientos de inversión de matrices, y su capacidad para identificar GC desconectados y conectados indirectamente. De los 10 métodos estudiados, cinco, PRGA, VDG, GrC, r_{ij} , y TLGD identificaron GC desconectados, pero tres

además, su correlación con VEP fue baja (-0.58). The correlation in the present study between TDGL and DC was 0.94, higher to that reported (0.86) by Roso *et al.* (2004); also TDGL showed a high association with PEV and VdCG (-0.97 and -0.85), higher values to those published (-0.66 and -0.64) by Roso *et al.* (2004).

A method of determining connectedness must identify CGs disconnected, and connected directly and indirectly, also must generate values consistent of connectedness, be easy to apply and interpret. Magaña-Valencia *et al.* (2012) described the attributes of the 10 quantitative methods compared in this study, in terms of the scale of measurement, values representing better connectedness, matrix inversion requirements, and ability to identify CGs disconnected and connected indirectly. Of the 10 methods studied, five, AAGR, GDV, DC, r_{ij} , and TDGL identified disconnected CGs, but three AAGR, GDV, and TDGL did not estimate connectedness indirectly. The problem of indirect connectedness detection can be overcome by algorithms considering the simple geometric method (Searle, 1987) as it does to the method TDGL (Fries and Roso, 1997). In the present study, the ability of the methods to identify disconnected and indirectly connected CGs was confirmed by their application to the simulated scenarios.

PRGA, VDG, y TLGD no estimaron conectividad en forma indirecta. El problema de detección de conectividad indirecta puede superarse mediante algoritmos que consideran el método geométrico simple (Searle, 1987) como se hace para el método TLGD (Fries y Roso, 1997). En el presente estudio, la capacidad de los métodos para identificar GC desconectados y conectados indirectamente fue confirmada mediante su aplicación en los escenarios simulados.

Respecto a la consistencia de los métodos, en el presente estudio sólo VEP, FG, TLGD e IC mostraron patrones en los valores de conectividad acordes con el aumento en el número de sementales o vientres en común a través de los siete escenarios simulados. Sin embargo, debido a que los métodos VEP, FG e IC no permitieron identificar GC desconectados, que el problema de detección de conectividad indirecta para TLGD puede resolverse como ya se indicó (Fries y Roso, 1997), y que TLGD mostró una asociación alta (-0.97) con VEP, se considera que el método de número de lazos genéticos directos es el más apropiado para determinar conectividad en evaluaciones genéticas rutinarias.

CONCLUSIONES

Considerando los criterios de consistencia, definida como la relación entre el grado de conectividad obtenido y la conectividad simulada al aumentar progresivamente el número de sementales o vacas entre grupos contemporáneos a través de los escenarios simulados, y la capacidad para identificar grupos contemporáneos desconectados, y conectados directa e indirectamente, el método de número de lazos genéticos directos totales debido a sementales y hembras comunes es el más apropiado. Además, está altamente correlacionado con la varianza del error de predicción de las diferencias en valores genéticos entre animales. Se sugiere usar el método de número de lazos genéticos directos en evaluaciones genéticas rutinarias de bovinos.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología y al Consejo Mexiquense de Ciencia y Tecnología por el financiamiento otorgado para los estudios de Maestría en Ciencias del primer autor.

With regard to the consistency of the methods, in the present study only PEV, GF, TDGL and CI showed patterns in the connectedness values consistent with the increase in the number of common sires or dams through the seven simulated scenarios. However, due to the fact that the methods PEV, GF and CI failed to identify disconnected CGs, that the problem of indirect connectedness detection for TDGL can be solved as indicated (Fries and Roso, 1997), and due to the fact that TDGL showed a high association (-0.97) with PEV, it is considered that the method of number of direct genetic links is the most appropriate for determining connectedness in routine genetic evaluations.

CONCLUSIONS

Considering the consistency criteria, defined as the relationship between the degree of obtained connectedness *vs.* simulated connectedness by progressively increasing the number of sires or dams among contemporary groups through the simulated scenarios, and the ability to identify contemporary groups disconnected, and connected directly and indirectly, the method of number of direct genetic links due to common sires and dams is the most appropriate. Besides, it is highly correlated with the prediction error variance of the differences in genetic values among animals. It is suggested to use the method of number of direct genetic links in routine genetic evaluations of cattle.

—End of the English version—



LITERATURA CITADA

- Banos, G., and R. A. Cady. 1988. Genetic relationship between the United States and Canadian Holstein bull populations. *J. Dairy Sci.* 71: 1346-1354.
- Carneiro S., A. P., R. A. Torres, R. F. Euclides, M. A. Silva, P. S. Lopes, P. L. S. Carneiro, e R. A. T. Filho. 2001. Efeito da conexidade de dados sobre a acurácia dos testes de progenie e performance. *Rev. Bras. Zoot.* 30: 342-347.
- Clément V., B. Bibé, E. Verrier, J. M. Elsen, E. Manfredi, J. Bouix, and E. Hanocq. 2001. Simulation analysis to test the influence of model adequacy and data structure on the estimation of genetic parameters for traits with direct and maternal effects. *Genet. Sel. Evol.* 33: 369-395.

- Fernando, R. L., D. Gianola, and M. Grossman. 1983. Identifying all connected subsets in a two-way classification without interaction. *J. Dairy Sci.* 66: 1399-1402.
- Fouilloux, M. N., and D. Laloë. 2001. A sampling method for estimating the accuracy of predicted breeding values in genetic evaluation. *Genet. Sel. Evol.* 33: 473-486.
- Fouilloux, M. N., B. Clément, and D. Laloë. 2008. Measuring connectedness among herds in mixed linear models: from theory to practice in large-sized genetic evaluations. *Genet. Sel. Evol.* 40: 145-159.
- Foulley, J. L., E. Hanocq, and D. Boichard. 1992. A criterion for measuring the degree of connectedness in linear models of genetic evaluation. *Genet. Sel. Evol.* 24: 315-330.
- Fries, L. A., e V. M. Roso. 1997. Conectabilidade em avaliações genéticas de gado de corte: uma proposta heurística. *In: Anais XXXIV Reun. Soc. Bras. Zoot.*, 28 de Julho a 1 de Agosto. Juiz de Fora. pp: 159-161.
- Hanocq E., D. L. Tiphine, et B. Bibë. 1999. Le point sur la notion de connexion en génétique animale. *INRA Prod. Anim.* 12(2): 101-111.
- Hao, Z., L. Xiao-Hong, W. Chong, L. Jia-Qi, and C. Yao-Sheng. 2004. Study on the measures of connectedness between herds. *Agric. Sci. China* 3(2): 143-148.
- Kennedy, B. W., and D. Trus. 1993. Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. *J. Anim. Sci.* 71: 2341-2352.
- Kuehn, L. A., R. M. Lewis, and D. R. Notter. 2007. Managing the risk of comparing estimated breeding values across flocks or herds through connectedness: a review and application. *Genet. Sel. Evol.* 39: 225-247.
- Kuehn, L. A., D. R. Notter, G. J. Nieuwhof, and R. M. Lewis. 2008. Changes in connectedness over time in alternative sheep sire referencing schemes. *J. Anim. Sci.* 86: 536-544.
- Laloë, D. 1993. Precision and information in linear models of genetic evaluation. *Genet. Sel. Evol.* 25: 557-576.
- Laloë, D., F. Phocas, and F. Ménéssier. 1996. Considerations on measures of precision and connectedness in mixed linear models of genetic evaluation. *Genet. Sel. Evol.* 28: 359-378.
- Lewis, R. M., R. E. Crump, G. Simm, and R. Thompson. 1999. Assessing connectedness in across-flock genetic evaluations. *In: Proc. Br. Soc. Anim. Sci.*, March 22-24. Scarborough, England. p: 121.
- Magaña-Valencia, F., R. Núñez-Domínguez, R. Ramírez-Valverde, y F. A. Rodríguez-Almeida. 2012. Conectividad en evaluaciones genéticas de animales: 1. Metodologías. *Agrociencia* 46: 677-692.
- Mathur, P. K., B. Sullivan, and J. Chesnais. 2002. Measuring connectedness: concept and application to a large industry breeding program. *In: Proc. 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, August 19-23. Montpellier, France, p. 13 (abstract).
- Roso, V. M., R. S. Schenkel, and S. P. Miller. 2004. Degree of connectedness among groups of centrally tested beef bulls. *Can. J. Anim. Sci.* 84: 37-47.
- Searle, S. R. 1987. *Linear Models for Unbalanced Data*. John Wiley & Sons, New York. USA. 536 p.
- Soga, N., M. L. Spangler, C. R. Schwab, P. J. Berger, and T. J. Baas. 2010. Comparison of connectedness measures and changes in connectedness of the U. S. Duroc population. *In: Proc. 9th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, July 31 to August 6, Leipzig, Germany. 4 p.
- Tarrés, J., M. Fina, and J. Piedrafitá. 2010. Connectedness among herds of beef cattle bred under natural service. *Genet. Sel. Evol.* 42: 6-15.
- Tosh, J. J., and J. W. Wilton. 1994. Effect of data structure on variance of prediction error and accuracy of genetic evaluation. *J. Anim. Sci.* 72: 2568-2577.

Apéndice 1. Pedigrís simulados para los siete escenarios (E) considerados.
Appendix 1. Pedigrees for the seven simulated scenarios (S) considered.

			Escenarios													
			E1		E2		E3		E4		E5		E6		E7	
ID	S	GC	P	M	P	M	P	M	P	M	P	M	P	M	P	M
1	m		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	m		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
3	m		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
5	h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	m		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
7	m		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
8	h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
9	h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	m		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
11	m		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
12	h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
13	h		0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
14	h		2	5	2	5	2	5	2	5	2	5	2	5	2	5
15	h		3	4	3	4	3	4	3	4	3	4	3	4	3	4
16	h		3	14	3	14	3	14	3	14	3	14	3	14	3	14
17	h		1	4	1	4	1	4	1	4	1	4	1	4	1	4
18	h		7	8	7	8	7	8	7	8	7	8	7	8	7	8
19	h		6	9	2	9	2	9	6	9	2	9	2	9	2	9
20	h		11	12	11	12	11	12	11	12	11	12	11	12	11	12
21	h		10	12	10	12	10	12	10	12	10	12	10	12	10	12
22	h		10	13	10	13	10	13	10	13	10	13	10	13	10	13
23	h	1	1	4	1	4	1	4	1	4	1	4	1	4	1	4
24	h	1	1	5	1	5	1	5	1	5	7	5	7	5	7	5
25	h	1	1	14	1	14	1	14	1	14	7	14	7	14	7	14
26	h	1	2	15	2	15	2	15	2	15	2	15	2	15	2	15
27	h	1	2	16	2	16	2	16	2	16	2	16	2	16	2	16
28	h	1	3	17	3	17	3	17	3	17	3	17	3	17	6	22
29	m	2	6	8	6	8	6	8	6	8	7	8	1	8	6	8
30	m	2	6	9	6	9	6	9	2	9	2	9	2	9	1	9
31	m	2	7	18	2	18	2	18	2	18	2	18	2	18	2	18
32	m	2	7	19	7	19	7	19	7	19	7	19	7	19	7	22
33	m	3	10	12	10	12	10	12	10	12	10	4	1	4	1	4
34	m	3	10	13	10	13	7	13	6	13	2	8	2	8	2	8
35	m	3	11	20	11	20	7	20	11	20	7	20	7	5	7	5
36	m	3	11	21	11	21	11	21	7	21	2	21	2	9	2	9
37	m	3	11	22	11	22	11	22	11	22	7	22	7	22	6	22

ID=animal, P=padre, M=madre, S=sexo, m=macho, h=hembra, GC=grupo contemporáneo ❖ ID=animal, P=sire, M=dam, S=sex, m=male, h=female, CG=temporary group.