

Artículo de investigación

Explorando un sistema de control de la consanguinidad vía toros de inseminación en sistemas de producción cerrados carentes de registros genealógicos

Exploring an inbreeding control system using insemination bulls in closed production systems without pedigrees

Explorando um sistema de controle da consanguinidade via touros de inseminação em sistemas de produção cerrados carentes de registros genealógicos

Jaime Enrique Piñeira Vargas ^{1*} Biol. Dr. [ORCID](#), Francisco Javier Gebauer Mery ¹ Ing. Agr. [ORCID](#)

* Autor para correspondencia.

¹ Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA, Fidel Oteiza 1956, pisos 11,12 y 15 Providencia, Santiago – Chile.

Fecha correspondencia:

Recibido: septiembre 28 de 2022.

Aceptado: diciembre 20 de 2022.

Forma de citar:

Piñeira Vargas JE, Gebauer Mery FJ.

Explorando un sistema de control de la consanguinidad vía toros de inseminación en sistemas de producción cerrados carentes de registros genealógicos. CES Med. Zootec. 2022; 17(3): 37-45.

<https://dx.doi.org/10.21615/cesmvz.6980>

[Open access](#)

[© Derecho de autor](#)

[Licencia creative commons](#)

[Ética de publicaciones](#)

[Revisión por pares](#)

[Gestión por Open Journal System](#)

DOI: 10.21615/cesmvz.6980

Resumen

Si en un sistema de producción animal se sobrepasa un umbral de consanguinidad (F) promedio (en torno al 6,25%), pueden comenzar a surgir una serie de anomalías como la aparición de enfermedades autosómicas recesivas, disminución en la capacidad de respuesta inmune y en los promedios productivos y reproductivos de los rebaños, fenómeno conocido como depresión endogámica. Este problema puede verse magnificado en sistemas de producción en los que la mejora genética se realiza a través de inseminación artificial (IA) pues, en varios países, se ha informado de elevados grados de parentesco familiar entre toros de inseminación pertenecientes a una misma raza. En el presente estudio se exponen los resultados de la simulación de una estrategia para el control de la consanguinidad en rebaños productivos de la raza *Aberdeen angus*, basada en la gestión de registros genealógicos de toros de inseminación. Los resultados del presente estudio indican que, en teoría, es posible implementar programas de control de la consanguinidad en plantales productivos de bovinos de carne sometidos a IA, a través

ISSNe: 1900-9607

[Publica con nosotros](#)

de una estrategia que no dependa de la existencia de registros genealógicos prediales, sino que de los registros de los toros de inseminación. Dicha estrategia dependería únicamente de la información proporcionada a los productores por parte de las empresas proveedoras de semen. Sin embargo, el método propuesto no es aplicable a criaderos de reproductores, los cuales no pueden prescindir de registros genealógicos y de un control de la consanguinidad que considere apareamientos de mínimo parentesco.

Palabras clave: *inseminación artificial; consanguinidad; depresión consanguínea; registros genealógicos.*

Abstract

If an average consanguinity (F), threshold is exceeded (about 6.25%) in an animal production system, a series of anomalies may begin to appear, such as the appearance of autosomal recessive diseases, a decrease in the immune response capacity and in the productive and reproductive averages of the herds, a phenomenon known as inbreeding depression. This problem can be magnified in production systems in which genetic improvement is carried out through artificial insemination (IA by its acronym in Spanish), since, in several countries, high degrees of family kinship between inseminations bulls belonging to the same breed have been reported. In the present study are presented the results of the simulation of a strategy for the control of inbreeding in productive herds of the *Aberdeen angus* breed, based on the management of genealogical records of insemination bulls. The results of this study indicate that, in theory, it is possible to implement consanguinity control programs in productive farms of beef cattle subjected to IA, through a strategy that does not depend on the existence of farm genealogical records, but on records of insemination bulls. Said strategy would depend solely on the information provided to the producers by the semen supplying companies. However, the proposed method is not applicable to breeding farms, which cannot do without genealogical records and consanguinity control that considers pairings of minimal kinship.

Keywords: *artificial insemination; inbreeding; inbreeding depression; genealogical record.*

Resumo

Se um limiar médio de consanguinidade (F) for ultrapassado em um sistema de produção animal (em torno de 6,25%), uma série de anomalias pode começar a aparecer, como o emergência de doenças autossômicas recessivas, diminuição da capacidade de resposta imune e das médias populacionais para variáveis de interesse produtivo, fenômeno conhecido como depressão endogâmica. Esse problema pode ser ampliado em sistemas de produção em que o melhoramento genético é realizado por meio de inseminação artificial (IA), pois, em vários países, tem sido relatado alto grau de parentesco familiar entre touros inseminados de uma mesma raça. No presente estudo, são apresentados os resultados da simulação de uma

estratégia para o controle da endogamia em rebanhos produtivos da raça *Aberdeen angus*, com base no manejo de registros genealógicos de touros inseminados. Os resultados deste estudo indicam que, em teoria, é possível implementar programas de controle de consanguinidade em fazendas produtivas de bovinos de corte submetidos à IA, por meio de uma estratégia que não depende da existência de registros genealógicos da fazenda, mas de registros de touros inseminados. Essa estratégia dependeria exclusivamente das informações fornecidas aos produtores pelas empresas fornecedoras de sêmen. No entanto, o método proposto não é aplicável a fazendas de criação, que não podem prescindir de registros genealógicos intra-fazenda e controle de consanguinidade que considera pares de parentesco mínimo.

Palavras-chave: *inseminação artificial; consanguinidade; depressión consanguínea; registros genealógicos; censo de obstrução efetiva.*

Introducción

Los registros genealógicos son una herramienta fundamental en los sistemas de producción ganadera pues son utilizados con distintos propósitos, entre los cuales destacan la posibilidad de dar garantía de animales finos por pedigrí, estimar el mérito genético de los candidatos a reproductores en programas de mejora y para detectar y controlar la consanguinidad al interior de los rebaños ⁽¹³⁾.

Lamentablemente, en muchos países la gestión genética ganadera se ha visto reducida al uso de tecnologías reproductivas como la inseminación artificial (en adelante IA) o transferencia de embriones (TE), técnicas que sin duda han permitido difundir los progresos genéticos obtenidos en otros países, introduciendo, además, razas ganaderas altamente productivas.

Si bien dicha estrategia de manejo ha traído muchos beneficios, no se encuentra exenta de problemas derivados de la percepción de muchos productores de que el mantenimiento de registros genealógicos y productivos es una práctica antigua, innecesaria y costosa. De hecho, en países como Chile, menos del 1% de la masa bovina cuenta con registros genealógicos oficiales (Pinilla R. Sociedad de Fomento Agrícola de Temuco, comunicación personal).

La reducción en el uso de este valioso instrumento técnico no solo ha derivado en la imposibilidad de estimar el mérito genético de las hembras a ser inseminadas, con el consecuente retardo en los progresos genéticos, sino que también se encuentra asociada a una reducción de las posibilidades de controlar adecuadamente la endogamia al interior de los rebaños. Este último punto se ve agravado si se tiene en cuenta que la presión de selección realizada en los países de origen del semen importado pudo haber reducido de forma tan significativa el número de líneas familiares a las cuales pertenecen los toros mejoradores, que sencillamente se ha llegado al punto en el que muchos de los toros comercializados se encuentran emparentados en menor o mayor grado ⁽¹⁴⁾.

En la actualidad, la forma más precisa y económica de conocer los niveles de consanguinidad existentes en un rebaño es mediante el análisis de los registros genealógicos. Esta herramienta de gestión también permite planificar las cubiertas o inseminaciones minimizando el riesgo del surgimiento de enfermedades autosómicas recesivas y depresión endogámica. Para ello, existen aplicaciones gratuitas como ENDOG⁽¹⁰⁾, que facilitan de manera muy significativa el análisis de la información. Sin embargo, ante la carencia de dichos registros, el productor pierde toda posibilidad de conocer a tiempo real, lo que ocurre con los niveles de consanguinidad del rebaño y, consecuentemente, se expone a eventuales pérdidas económicas derivadas de las anomalías antes señaladas.

Si bien la mejor alternativa para controlar la consanguinidad al interior de un rebaño es el mantenimiento de registros genealógicos confiables, surge la pregunta de si es posible implementar una metodología alternativa y provisoria que permita controlar los niveles medios de consanguinidad al interior de rebaños productivos que carecen de registros genealógicos. El objetivo del presente estudio fue evaluar, mediante simulaciones, una alternativa de control de la consanguinidad que utiliza toros de inseminación mínimamente emparentados en rebaños constituidos por animales carentes de pedigrí.

Materiales y métodos

El estudio se realizó en el Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA – Chile) y para ello se llevó a cabo una simulación sobre un rebaño promedio constituido de 50 vacas *Aberdeen angus* las cuales fueron inseminadas, durante cinco temporadas, con toros de la misma raza, comercializados entre los años 2015 y 2020 por dos conocidas empresas proveedoras de semen.

El experimento comparó los resultados en dos tratamientos que diferían en la forma en que se seleccionó a los toros de inseminación: En el primer tratamiento, la totalidad del rebaño fue inseminado con un toro cada diez vacas en cada una de las temporadas. Dichos toros fueron seleccionados aleatoriamente de entre el total de toros disponibles cada año, cuyas pruebas de progenie (EBVs) fuesen iguales o superiores a la media de la raza para los rasgos de facilidad de parto directa (CED) y peso al destete (WW). El sexo de las crías se asignó de forma aleatoria en cada una de las diez réplicas realizadas anualmente. El segundo tratamiento fue similar al anterior con la diferencia de que la selección de los toros no fue aleatoria entre el total de toros mejorantes, sino que se buscó a aquellos sementales mínimamente emparentados con los toros utilizados durante las temporadas anteriores. El parentesco entre toros se estimó mediante la construcción de una matriz de parentesco aditivo (A) a partir de los registros genealógicos de cada animal, obtenidos hasta bisabuelos desde la base de datos de la American Angus Association⁽²⁾, utilizando el algoritmo propuesto por Quaas (1976)⁽¹⁴⁾. La estimación de la consanguinidad (F) media anual del rebaño se obtuvo promediando la F de cada individuo vivo del rebaño, la que a su vez fue estimada utilizando la metodología propuesta por Meuwissen y Luo (1992)⁽¹¹⁾.

Para la simulación se definieron los siguientes supuestos: 1) Las vacas que conforman el rebaño no se encuentran emparentadas y poseen tres generaciones completas de ascendientes, 2) todas las vacas del rebaño son fertilizadas vía IA, 3) el porcentaje de preñez es de un 100%, 4) todas las hembras poseen el mismo mérito genético y la mejora se realiza únicamente vía toro, 5) el porcentaje de reemplazo es de un 20% anual manteniendo constante un número de 50 vacas por temporada y 6) las vacas eliminadas y las vacas seleccionadas para la reposición se eligen de forma aleatoria anualmente. Las estimaciones de consanguinidad y la construcción de la matriz A se llevó a cabo mediante la aplicación ENDOG 4.0 ⁽¹⁰⁾ mientras que el contraste entre tratamientos por temporada se realizó mediante una prueba H de Kruskal-Wallis, utilizando la aplicación SPSS 15.0.

Una vez obtenidos los resultados de siete temporadas para cada uno de los tratamientos, se realizó una proyección de las líneas de tendencia con el objetivo de determinar el tiempo que transcurrirá hasta que las F de cada tratamiento alcancen o superen el límite máximo aceptable de consanguinidad de un 6,25% ⁽⁸⁾.

Resultados

En la figura uno se presenta una representación gráfica de la evolución de la consanguinidad media entre tratamientos. En la gráfica también se presentan las desviaciones estándar de la media (SEM) y la significancia estadística (P) de la prueba H de Kruskal-Wallis por año.

Se puede observar que en la temporada 1 (animales fundadores) la consanguinidad (F) en ambos rebaños es de 0. Esto debido a que los animales no se encuentran emparentados. En la temporada 2, la F media se mantuvo en 0, sin embargo, a partir de la tercera temporada de inseminaciones se produce un aumento de la F media anual con tendencia polinomial ($R^2=0,98$) en ambos tratamientos. También se observa que las medias de F anual tienden a separarse a partir del tercer año de inseminaciones, tornándose significativamente distintas ($P= 0,023$) en la séptima temporada.

En la [Figura 2](#) se presenta una proyección del incremento en las consanguinidades medias de ambos tratamientos (rebaños), basados en tendencia polinomial ($R^2=0,98$) observada en el primer análisis ([Figura 1](#)).

En la gráfica puede apreciarse que mientras que el tratamiento sin control de la consanguinidad supera el $F=6,25$ en la temporada 21, el tratamiento sometido a control de la consanguinidad lo hace en la temporada 34, vale decir, con un retardo de 13 temporadas.

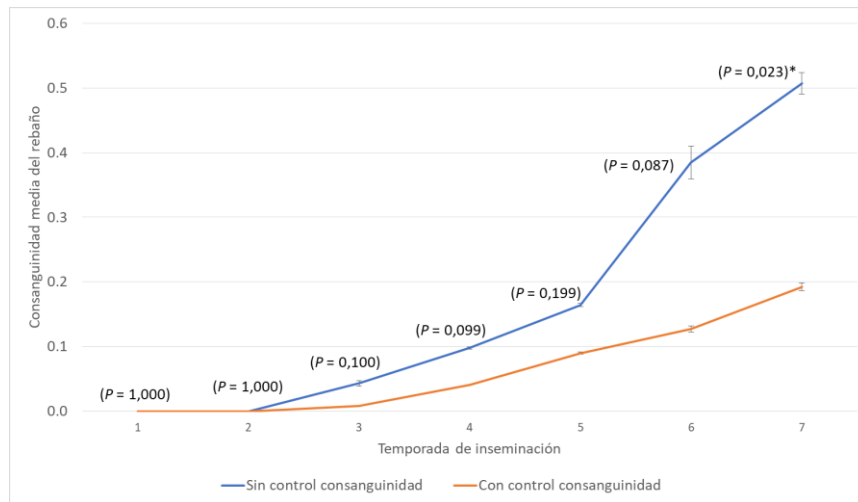


Figura 1. Evolución de la consanguinidad en un rebaño ficticio de bovinos *Aberdeen angus* sometido a IA. Se presentan las desviaciones estándar de la media (SEM) y entre paréntesis la significancia estadística de la prueba H de Kruskal-Wallis por año. El asterisco indica diferencia significativa.

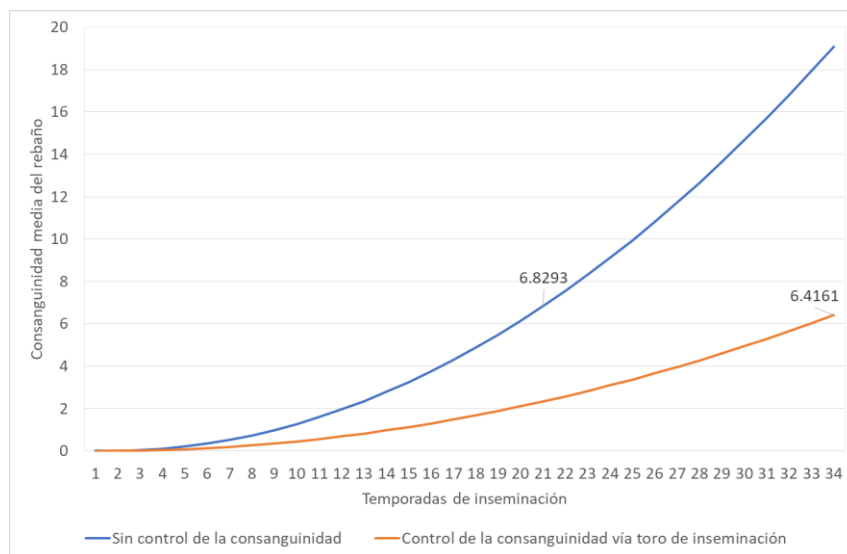


Figura 2. Proyección del incremento en las consanguinidades medias de ambos tratamientos (rebaños), basados en tendencia polinomial (R²=0,98).

Discusión

La consanguinidad al interior de los planteles productivos es un problema relevante en los sistemas ganaderos debido a que, aunque el número de cabezas de ganado puedan ser relativamente elevadas, como en los sistemas extensivos existentes en la Patagonia argentina

y chilena, los tamaños efectivos (N_E) suelen ser reducidos con relación al tamaño poblacional (N) debido al desequilibrio en el número de reproductores de cada sexo. Por lo anterior y en términos genéticos la mayoría de los rebaños deben ser considerados poblaciones pequeñas y, por lo tanto, se debe asumir que el surgimiento de consanguinidad es algo inevitable ⁽⁷⁾.

Si bien la consanguinidad en razas de producción animal es algo que puede ser deseable en términos de homogeneidad de la masa animal, pasado ciertos umbrales (6,25%) ⁽⁸⁾, pueden expresarse enfermedades autosómicas recesivas que puedan llegar a afectar la eficiencia productiva de los rebaños. Este tipo de anomalía han sido consideradas en las normativas de países como Chile, en las cuales se establece que al menos los bovinos aptos para la reproducción que ingresan al país, deberán contar con un certificado de inscripción en el registro genealógico oficial del país de origen, que garantice el acceso a la genealogía de este y se deberá certificar que no son portadores de enfermedades genéticas hereditarias y proceder de plantales o centros genéticos registrados ⁽¹⁵⁾.

Si bien este tipo de normativas son eficientes en controlar el ingreso de alelos deletéreos recesivos causantes de diversas enfermedades genéticas, es probable que por deriva génica ⁽⁷⁾ muchos de estos alelos desaparezcan o se fijen, en cuyo caso podría dar buenos resultados complementar las normativas con procedimientos para el descarte de animales portadores de dichas variantes.

En el caso de la depresión endogámica o consanguínea, cuyos efectos han sido ampliamente estudiados ^(1, 3-6, 9) resulta mucho más complejo el descarte animal pues las variaciones productivas medias se observan a nivel de rebaño y no de individuo a individuo.

En este contexto, los resultados de este estudio indican que la selección de toros de inseminación por bajo nivel de parentesco puede retrasar de forma efectiva el incremento de la consanguinidad en razas que carezcan a nivel local de registros genealógicos que permitan una gestión genética adecuada. Extrapolando los resultados, la aplicación de esta metodología en un rebaño cerrado cuya F promedio sea de 2,3%, el tiempo transcurrido en alcanzar niveles de consanguinidad en torno a los 6,25% ⁽⁸⁾ será de 13 temporadas, mientras que un plantel en el que no exista selección basada en el grado de parentesco de los reproductores, la F media podría alcanzarse en tan solo siete temporadas.

Lo anterior puede resultar crítico económicamente si se tiene en cuenta que, en razas bovinas como Holstein, un 1% en consanguinidad tiene un costo neto de 23,11 dólares por animal (en la totalidad de su vida productiva), equivalente a 37 kg de leche, 1,2 kg de grasa y 1,2 kg de proteína por lactancia, y 13,1 días de vida productiva ⁽¹⁶⁾.

Conclusiones

Los resultados expuestos anteriormente indican que el control de la consanguinidad basado en la utilización de toros mínimamente emparentados en sistemas de encastes al azar, en rebaños en los que no se cuenta con registros de genealogías, permite controlar el incremento de la consanguinidad. De lo anterior se deduce la importancia de que los productores puedan acceder permanentemente a los registros genealógicos de los toros de inseminación comercializados en cada país, con el objetivo de que puedan realizar planes de cruzamiento personalizados y dirigidos a mejorar la gestión genética de la masa ganadera, evitando el surgimiento de anomalías como las anteriormente descritas.

Adicionalmente, este estudio demuestra que actualmente, la gestión genética ganadera es un proceso de bajo costo, que puede ser llevado a cabo de forma simple, mediante la gestión de la información disponible a través de Internet.

Agradecimientos

Se agradece al proyecto INIA titulado Programa Nacional de Mejoramiento Genético en Bovinos de Carne, código 502186-70, financiado por la Subsecretaría de Agricultura por proporcionar los recursos humanos e informáticos necesarios para la realización del presente estudio.

Referencias

1. Álvarez P, Hernández JR, y Magaña F. Efecto de consanguinidad sobre la producción láctea en vacas Holstein en el establo La Estrella, León, Gto., México. Revista Chapingo Serie Zonas Áridas. 2010; 9:71-75.
2. American Angus Association. [acceso junio y julio de 2018].URL: <http://www.angus.org>.
3. Bezdíček J, Louda F. Relationship between inbreeding and the major histocompatibility complex: a review. Slovak J Anim Sci 2018; 51(3): 119-127
4. Casanova L, Hagger C, Kuenzi N, Schneeberger M. 1992. Inbreeding in Swiss Braunvieh and its influence on breeding values predicted from a repeatability animal model. J Dairy Sci 2018; 75: 1119-1126.
5. Cassell, B.G., V. Adamec and R.E. Pearson. 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. 2003a.
6. Cassell, B.G., V. Adamec and R.E. Pearson. Maternal and fetal inbreeding depression for 70-Day nonreturnand calving rate in Holsteins and Jerseys. J. Dairy Sci., 86: 2977-2983. 2003b

7. Falconer D, Mackay TF. Introducción a la genética cuantitativa. 1ra ed. España. Editorial Acribia; 2001.
8. Florio J. Consanguinidad en la ganadería bovina. Manual de Ganadería doble propósito, 10: 129-134. 2005
9. Guest B. Consanguinidad en bovinos. Revista Angus Society Australia 2008; 241: 54-55.
10. Gutierrez JP, Goyache F. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. J Anim Breed Genet, 122: 357-360. 2003
11. Meuwissen TI, y Luo Z. Computing inbreeding coefficients in large populations, Genet Sel Evol 24: 305-313. 1992.
12. Piñeira J y Gebauer F. 2019. Boletín 409, Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA). Construcción y uso de registros genealógicos y productivos en bovinos y ovinos de carne. URL: <https://biblioteca.inia.cl/handle/20.500.14001/6816>
13. Piñeira J., Días M., Cancino O. Genetic relationship between insemination bulls marketed in Chile by two semen suppliers: a case study in Holstein and Angus breeds. CES Med. Vet. Zoot, 2019; 15 (2): 38-48. 2020.
14. Quaas RL. Computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix. Biometrics 32: 949-953. 1976
15. Servicio Agrícola y Ganadero SAG. 2020. Resolución 2987 Exenta, Fija exigencias sanitarias para la internación a Chile de bovinos aptos para la reproducción y deroga Resolución N° 1.487 Exenta de agosto de 1992. URL: http://www.sag.cl/sites/default/files/resolucion-2987-exenta_03-jul-2020.pdf
16. Smith, L.A., B.G. Cassell and R.E. Pearson. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle J. Dairy Sci. 81: 2729-2737. 1998.