

Artículo de investigación

Genetic relationship between insemination bulls marketed in Chile by two semen suppliers: a case study in Holstein and Angus breeds

Relación genética entre toros de inseminación comercializados en Chile por distintas empresas proveedoras de semen: un estudio de caso en las razas Holstein y Angus

Relação genética entre touros de inseminação comercializados no Chile por diferentes empresas fornecedoras de sêmen: um estudo de caso nas raças Holstein e Angus

Jaime Enrique Piñeira Vargas ^{1*}, Biol. Dr. ✉; Matías Alejandro Díaz Ortega ², MV; Olga Camila Cancino Lopez ², MV

Fecha correspondencia:

Recibido: 13 de noviembre de 2019.
Aceptado: 24 de julio de 2020.

Forma de citar:

Piñeira Vargas JE, Díaz Ortega MA, Cancino López OC. Relación genética entre toros de inseminación comercializados en Chile por distintas empresas proveedoras de semen: un estudio de caso en las razas Holstein y Angus. Rev. CES Med. Zootec, 2020; Vol 15 (2): 38-48.

Open access

© Copyright

Creative commons

Ethics of publications

Peer review

Open Journal System

DOI: <http://dx.doi.org/10.21615/cesmvz.15.2.3>

ISSN 1900-9607

Comparte



Abstract

Artificial insemination (AI) is currently the preferred reproductive management for most cattle farmers working with international cattle breeds likes Holstein Friesian and Aberdeen Angus. In relation to this, several authors have described that over the years there has been an alteration in the production parameters, which would be significantly associated with an increase in the inbreeding degree of the animals. This fact would have its origin at the genetic nucleus level, in which improvement programs are carried out, due to the small number of family lines which the animals selected as breeding stock belong to. This study evaluated the degree of kinship between Holstein Friesian and Aberdeen Angus insemination bulls marketed in Chile by two semen distribution companies. A total of 86 bulls available in catalogues until 2017 were studied. The genealogical information of each bull was traced back up to great-great-grandfather and then a consolidated genealogical record was built for each breed. This analysis considered the estimation of each bull's inbreeding percentage (F) and the construction of a co-ancestry matrix among animals. Results indicated that 99% of Holstein bulls and 79% of Angus bulls, are related to some extent. As a result of the above, it is concluded that is essential that in Chile a program management of genealogical information be initiated to adequately control inbreeding problems that may arise from the use of related animals.

Keywords: *artificial insemination, inbreeding, inbreeding depression, genealogical record, effective population size.*

Resumen

La inseminación artificial (IA) es actualmente el manejo reproductivo preferido para la mayoría de los ganaderos que trabajan con razas de

Filiación:

*Autor para correspondencia:
Jaime Enrique Piñeira Vargas.
Correo electrónico: jpineira@
inia.cl

1. Investigador en genética
y biotecnología animal,
Instituto de Investigaciones
Agropecuarias INIA, Chile,
Camino Cajón-Vilcún, Región
de La Araucanía, Chile, C.P.
8340422.

2. Estudiante de Medicina
Veterinaria, Universidad
Católica de Temuco, Chile.

ganado internacionales como Holstein Friesian y Aberdeen Angus. En relación con esto, varios autores han descrito que a lo largo de los años ha habido una alteración en parámetros de productivos, lo que se asociaría significativamente con un aumento en el grado de endogamia en los animales. Esta situación tendría su origen a nivel de los núcleos genéticos, en los que se llevan a cabo programas de mejora, debido al pequeño número de líneas familiares a las que pertenecen los animales seleccionados como reproductores. Este estudio evaluó el grado de parentesco entre toros de inseminación Holstein Friesian y Aberdeen Angus comercializados en Chile por dos empresas de distribución de semen. Se estudiaron un total de 86 toros disponibles en catálogos hasta el año 2017. La información genealógica de cada toro se remonta hasta trastatarabuelo y luego se construyó un registro genealógico consolidado para cada raza. Este análisis consideró la estimación del porcentaje de endogamia (F) de cada toro y la construcción de una matriz de parentesco aditivo (A) entre los animales. Los resultados indicaron que el 99% de los toros Holstein y el 79% de los toros Angus están emparentados. Como resultado de lo anterior, se concluye que es esencial que en Chile se inicie un programa de gestión de información genealógica para controlar adecuadamente los niveles de endogamia y poder mitigar los problemas que puedan surgir a causa de este fenómeno.

Palabras clave: *inseminación artificial, consanguinidad, depresión consanguínea, registros genealógicos, censo de población efectiva.*

Resumo

A inseminação artificial (IA) atualmente é o manejo reprodutivo preferido da maioria dos criadores de gado que trabalham com raças de gado internacionais, como o Holstein Friesian e o Aberdeen Angus. Nesse âmbito, vários autores assinalam que, ao longo dos anos, tem ocorrido uma alteração dos parâmetros produtivos, que poderia estar associada de forma significativa com um aumento no nível de endogamia nos animais. A origem dessa situação poderia estar nos núcleos genéticos, pois nos programas de melhoria, os animais que são selecionados como reprodutores pertencem a um reduzido número de linhas familiares. Esta pesquisa avalia os graus de parentesco entre touros para inseminação Holstein Friesian e Aberdeen Angus comercializados no Chile por duas empresas de distribuição de sêmen. No total, 86 touros foram analisados, disponíveis em catálogos de até 2017. As informações genealógicas de cada touro remontam aos tetravós. Posteriormente, foi elaborado um registro genealógico consolidado para cada raça. A análise considerou a estimação da porcentagem de endogamia (F) de cada touro e a construção de uma matriz de parentesco aditivo (A) entre os animais. Os resultados indicam que 99% dos touros Holstein e 79% dos touros Angus são aparentados. Como resultado disso, chega-se à conclusão de que é essencial se ter um programa de gestão de informações genealógicas no Chile para controlar adequadamente os níveis de endogamia e assim mitigar os possíveis problemas gerados por esse fenômeno.

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

Introducción

La endogamia o consanguinidad se define como la probabilidad de que dos alelos en cualquier locus sean idénticos por descendencia y ocurre cuando individuos relacionados se aparean el uno con otro²¹. La endogamia disminuye la heterocigosidad y aumenta la frecuencia de alelos deletéreos recesivos, que son los responsables de

causar desórdenes genéticos o afectar negativamente la supervivencia, reproducción o la aptitud funcional general. Estos alelos recesivos pueden causar problemas en los animales que portan dos copias anormales de un mismo alelo (animales homocigotos recesivos) ya que en dicha condición se pueden expresar en enfermedades hereditarias o defectos congénitos como anomalías estructurales o funcionales que pueden ser obvias al nacimiento o no. Existe una amplia variedad de defectos posibles, desde un cambio estructural único como puede ser la alteración en la longitud de una pata hasta la afección de múltiples órganos o sistemas^{15, 24}.

También se ha demostrado que la consanguinidad se encuentra fuertemente asociada a otros dos fenómenos que pueden afectar significativamente a los sistemas de producción ganadera.

El primero tiene relación con una reducción en la respuesta inmune de los animales, debido a la disminución en la variabilidad genética del grupo de genes que codifican el denominado complejo principal de histocompatibilidad (MHC). De hecho, una serie de investigaciones realizadas en los últimos años indican que la endogamia puede conducir a una mayor susceptibilidad a todo tipo de enfermedades en especies ganaderas, debido a una menor diversidad genética en el MHC (receptores de linfocitos - TcR, BcR). En términos generales, se ha observado que animales endogámicos, con mayor grado de homocigosidad, poseen un número menor de variantes en el reordenamiento genético en los linfocitos (el reordenamiento genético de los linfocitos T y B) y, por lo tanto, un menor número de variantes de anticuerpos⁶.

El segundo fenómeno, bastante conocido en sistemas ganaderos, es la denominada depresión consanguínea o endogámica, cuyos efectos han sido ampliamente estudiados y existen numerosos autores que dan cuenta de este tipo de anomalías en ganado bovino de leche y carne^{7, 13, 17, 20, 22, 25, 26, 32}.

Este fenómeno afecta negativamente características que están positivamente influenciadas por la heterosis (vigor híbrido), como resultado del cruzamiento. Por lo tanto, se puede decir que la consanguinidad y la depresión consanguínea son fenómenos opuestos al cruzamiento y a la heterosis, respectivamente¹⁵.

La medida clásica de la consanguinidad de un individuo es el coeficiente de consanguinidad (F)³³. Existen distintos métodos para su estimación, pero los más usados son: El método de Wright o de los coeficientes de sendero³¹ y el método de Malecot o de los coeficientes de parentesco¹⁸. Mientras más generaciones se incluyan en un registro, la precisión del coeficiente de consanguinidad será mayor. Por ejemplo, si se tiene un registro de tres generaciones quizás se obtenga valores de F cercanos a cero, pero si se obtiene información de otras tres generaciones de ascendientes, es probable que los niveles de consanguinidad sean mayores a 1%³⁰.

Respecto del grado de consanguinidad que podría soportar un rebaño productivo, depende de múltiples factores entre los cuales se cuentan la especie o la raza de animales con los que se trabaja. Sin embargo, varios autores concluyen que los niveles críticos de consanguinidad se darían por sobre el 12,5%, mientras que recientemente se considera que el máximo aceptable es de 6,25%¹⁴.

Actualmente muchos productores utilizan la inseminación artificial (IA) para realizar la reproducción de su ganado, considerando que la IA, en comparación con la monta natural, brinda mayores ventajas genéticas, sanitarias y reproductivas⁹.

La IA generalmente se realiza comprando semen congelado en empresas distribuidoras, las cuales tienen un stock de semen proveniente de diversos toros seleccionados. Según estudios realizados en Uruguay, el problema radica en que, con el desarrollo de las distintas técnicas de congelación de semen y las recientes tecnologías reproductivas de ovulación múltiple, fertilización *in vitro* y transferencia de embriones, más un creciente comercio internacional de germoplasma de toros y vacas de élite, las anomalías hereditarias surgidas en determinados criaderos, pasaron de ser un problema local a tener un impacto internacional¹¹.

Chile es un importante importador de semen bovino proveniente de Estados Unidos y según estadísticas gubernamentales²¹ entre 2015 y 2018, se importaron un total de 2.424.514 dosis de semen bovino. De este total, 495.513 (20%) de las dosis pertenecían a solo dos razas; Holstein Friesian para ganado lechero y Aberdeen Angus para ganado de carne. De estos, el 46% (229.610 dosis) provino solo de los Estados Unidos, hecho resulta alarmante considerando que en ese país se ha informado altos niveles de endogamia y muy bajos censos de población efectiva (39 animales de la raza Holstein, en todo Estados Unidos)⁵.

De acuerdo con lo planteado, el presente estudio tuvo como objetivo realizar una estimación del grado de parentesco existente entre toros, para las razas Holstein Friesian y Aberdeen Angus, que fueron comercializados en Chile entre los años 2016 y 2017 por dos de las principales empresas proveedoras de semen congelado.

Materiales y métodos

El trabajo se realizó a partir de 25 toros de la raza Holstein Friesian y provenientes de Estados Unidos y 61 toros de la raza Aberdeen Angus provenientes de Estados Unidos y Australia, cuyo semen es comercializado en Chile por dos de las principales empresas distribuidoras de semen congelado, identificadas como B y C.

La información genealógica de cada animal se completó hasta trazar abuelos y luego se fusionó en un registro genealógico consolidado para cada raza. La totalidad de la información fue obtenida a partir de las bases de datos de la American Angus Association², Angus Australia³ y American Holstein Association⁴.

En una primera instancia, se realizó un análisis de la información genealógica almacenada en las bases de datos. Dicho análisis contempló la estimación de los coeficientes de consanguinidad por individuo (F) utilizando el algoritmo descrito por Meuwissen y Luo (1992)¹⁹. Conocidos los niveles de consanguinidad individual, se procedió a estimar el parentesco medio entre todos los toros considerados en el estudio. Esto se realizó mediante la construcción de la matriz de parentesco aditivo o de coancestría (A), para lo cual se estimó el coeficiente de parentesco medio (AR) existente entre cada animal¹⁶. Dicho parámetro fue calculado utilizando el algoritmo propuesto por Quaas (1976)²³.

Todas las estimaciones fueron realizadas mediante el programa ENDOG 4.0¹⁶ y una vez obtenida la matriz (A), esta fue depurada para dejar únicamente las relaciones de parentesco de los toros de inseminación comercializados en Chile.

| ED | F | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------------|--------|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|-----|----|-----|---|-----|-----|-----|---|-----|--|
| New Design | B 0.0 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Foresight | B 2.5 | 27 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Predominant | C 1.3 | 7 | 8 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Emperor | C 3.0 | 5 | 7 | 28 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Special focus | B 0.4 | 2 | 2 | 3 | 4 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Impression | B 3.3 | 28 | 12 | 4 | 7 | 3 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Template | B 2.2 | 2 | 4 | 2 | 3 | 1 | 4 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| In focus | B 2.3 | 5 | 6 | 6 | 5 | 26 | 4 | 3 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Total Impact | C 3.5 | 13 | 6 | 4 | 5 | 2 | 8 | 3 | 4 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Pioneer | C 2.2 | 9 | 8 | 17 | 13 | 3 | 4 | 2 | 6 | 4 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Incentive | B 2.0 | 2 | 4 | 2 | 4 | 2 | 4 | 29 | 4 | 4 | 3 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 2005 | B 1.5 | 3 | 3 | 4 | 6 | 26 | 11 | 3 | 28 | 4 | 4 | 3 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Advocate | B 3.5 | 1 | 4 | 2 | 3 | 1 | 4 | 36 | 3 | 3 | 2 | 29 | 3 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Brilliance | B 2.4 | 7 | 6 | 17 | 17 | 3 | 5 | 3 | 5 | 10 | 4 | 5 | 3 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Brave | B 2.3 | 9 | 7 | 22 | 17 | 3 | 5 | 2 | 5 | 6 | 13 | 2 | 5 | 2 | 21 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Thunderbird | C 5.1 | 7 | 8 | 23 | 16 | 3 | 4 | 3 | 7 | 3 | 32 | 4 | 4 | 3 | 23 | 15 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Bruiser | B 2.0 | 17 | 6 | 17 | 10 | 2 | 7 | 3 | 5 | 6 | 8 | 4 | 4 | 3 | 32 | 16 | 21 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Absolute | B 2.4 | 7 | 10 | 11 | 11 | 3 | 6 | 4 | 8 | 5 | 29 | 6 | 5 | 4 | 9 | 9 | 31 | 7 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Safeguard | B 1.9 | 21 | 17 | 4 | 6 | 2 | 11 | 3 | 5 | 9 | 5 | 5 | 3 | 6 | 5 | 5 | 7 | 6 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Finalist | B 2.6 | 13 | 8 | 11 | 11 | 3 | 6 | 3 | 6 | 6 | 29 | 4 | 4 | 3 | 8 | 30 | 7 | 29 | 8 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Inside Track | B 4.5 | 5 | 3 | 3 | 3 | 13 | 4 | 15 | 16 | 4 | 3 | 15 | 14 | 16 | 4 | 2 | 3 | 4 | 4 | 4 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Final Four | C 2.8 | 7 | 10 | 8 | 9 | 3 | 7 | 4 | 7 | 5 | 17 | 5 | 4 | 5 | 8 | 8 | 18 | 7 | 24 | 6 | 17 | 4 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Honest Answer | C 15.0 | 8 | 11 | 12 | 8 | 2 | 6 | 5 | 9 | 6 | 20 | 7 | 4 | 5 | 10 | 10 | 21 | 10 | 22 | 8 | 19 | 6 | 37 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| Counselor | B 1.9 | 3 | 6 | 2 | 5 | 2 | 5 | 4 | 4 | 10 | 3 | 5 | 3 | 4 | 4 | 3 | 4 | 4 | 6 | 6 | 4 | 3 | 6 | 8 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | | |
| All purpose | C 1.8 | 6 | 4 | 3 | 5 | 2 | 5 | 4 | 3 | 5 | 3 | 4 | 3 | 4 | 28 | 10 | 15 | 28 | 5 | 6 | 4 | 3 | 5 | 6 | 4 | 100 | | | | | | | | | | | | | | | |
| Angus Valley | C 3.3 | 8 | 8 | 15 | 11 | 2 | 6 | 2 | 5 | 6 | 10 | 3 | 4 | 2 | 15 | 32 | 10 | 11 | 8 | 5 | 7 | 3 | 8 | 11 | 4 | 6 | 100 | | | | | | | | | | | | | | |
| Resource | C 0.0 | 4 | 4 | 17 | 15 | 2 | 3 | 2 | 3 | 3 | 9 | 2 | 3 | 3 | 11 | 21 | 9 | 7 | 6 | 3 | 6 | 2 | 5 | 7 | 2 | 2 | 18 | 100 | | | | | | | | | | | | | |
| None Better | C 2.3 | 3 | 3 | 3 | 4 | 5 | 5 | 16 | 8 | 4 | 3 | 16 | 7 | 16 | 7 | 3 | 5 | 6 | 6 | 4 | 4 | 11 | 5 | 7 | 4 | 6 | 5 | 3 | 100 | | | | | | | | | | | | |
| Dillon | C 1.1 | 8 | 7 | 10 | 10 | 3 | 5 | 3 | 5 | 8 | 27 | 4 | 4 | 3 | 7 | 7 | 29 | 6 | 28 | 5 | 29 | 4 | 17 | 18 | 6 | 3 | 6 | 6 | 3 | 100 | | | | | | | | | | | |
| INNOVATION | C 1.4 | 16 | 10 | 7 | 8 | 3 | 29 | 3 | 5 | 5 | 16 | 4 | 7 | 3 | 6 | 6 | 17 | 6 | 17 | 7 | 17 | 3 | 11 | 12 | 4 | 4 | 6 | 4 | 4 | 16 | 100 | | | | | | | | | | |
| Effective | C 1.1 | 4 | 5 | 7 | 7 | 4 | 4 | 2 | 6 | 3 | 16 | 3 | 5 | 2 | 5 | 5 | 16 | 4 | 16 | 4 | 15 | 3 | 12 | 11 | 3 | 3 | 5 | 4 | 4 | 15 | 9 | 100 | | | | | | | | | |
| Future Force | B 1.9 | 7 | 6 | 7 | 7 | 14 | 14 | 3 | 18 | 5 | 16 | 4 | 15 | 6 | 6 | 17 | 6 | 16 | 6 | 19 | 9 | 11 | 13 | 4 | 4 | 5 | 4 | 6 | 16 | 10 | 11 | 100 | | | | | | | | | |
| Final Answer II | C 1.1 | 8 | 10 | 18 | 16 | 4 | 4 | 2 | 9 | 3 | 28 | 4 | 5 | 2 | 10 | 11 | 31 | 7 | 29 | 5 | 29 | 3 | 17 | 19 | 4 | 2 | 8 | 9 | 4 | 27 | 16 | 15 | 17 | 100 | | | | | | | |
| Registry | C 0.0 | 6 | 6 | 8 | 3 | 1 | 4 | 2 | 3 | 4 | 7 | 2 | 2 | 2 | 5 | 10 | 5 | 5 | 4 | 4 | 2 | 5 | 8 | 2 | 2 | 12 | 30 | 3 | 3 | 3 | 3 | 3 | 4 | 100 | | | | | | | |
| Western Cut | C 4.7 | 8 | 7 | 4 | 6 | 2 | 6 | 4 | 5 | 10 | 4 | 6 | 3 | 4 | 18 | 8 | 10 | 18 | 6 | 8 | 5 | 4 | 8 | 10 | 11 | 18 | 7 | 3 | 7 | 4 | 5 | 5 | 7 | 4 | 3 | 100 | | | | | |
| Starling | C 0.8 | 2 | 4 | 4 | 5 | 14 | 2 | 2 | 15 | 2 | 4 | 2 | 14 | 2 | 5 | 4 | 6 | 4 | 3 | 4 | 8 | 4 | 4 | 2 | 5 | 2 | 3 | 4 | 4 | 3 | 5 | 9 | 7 | 1 | 3 | 100 | | | | | |
| Protocol | C 1.9 | 6 | 5 | 3 | 5 | 14 | 7 | 6 | 18 | 6 | 4 | 7 | 18 | 7 | 6 | 4 | 5 | 6 | 8 | 7 | 5 | 11 | 9 | 15 | 5 | 6 | 5 | 3 | 8 | 5 | 5 | 4 | 11 | 5 | 3 | 8 | 9 | 100 | | | |
| Sub-Zero | C 1.8 | 5 | 6 | 6 | 8 | 3 | 5 | 4 | 4 | 5 | 15 | 8 | 4 | 5 | 6 | 5 | 16 | 5 | 17 | 5 | 16 | 3 | 11 | 12 | 4 | 5 | 5 | 4 | 4 | 16 | 10 | 15 | 3 | 8 | 3 | 6 | 100 | | | | |
| Game winner | B 1.5 | 6 | 4 | 2 | 4 | 2 | 8 | 3 | 3 | 9 | 2 | 4 | 5 | 3 | 3 | 2 | 3 | 3 | 4 | 6 | 4 | 4 | 4 | 5 | 52 | 3 | 3 | 6 | 5 | 2 | 3 | 3 | 6 | 5 | 2 | 7 | 2 | 4 | 3 | 100 | |
| Assertive | B 2.0 | 5 | 6 | 6 | 7 | 5 | 4 | 6 | 8 | 5 | 7 | 6 | 6 | 6 | 5 | 16 | 5 | 53 | 5 | 16 | 6 | 14 | 13 | 5 | 3 | 5 | 4 | 6 | 15 | 10 | 10 | 12 | 15 | 3 | 6 | 4 | 7 | 10 | 3 | 100 | |

Figura 2. Versión reducida de la matriz de coancestría (A) para toros Aberdeen Angus importados a Chile por dos empresas distribuidoras (ED). La matriz completa consta de 1830 combinaciones de parejas de toros y puede ser solicitada al autor corresponsal.

En el análisis se detectó que el 79% de las parejas mantienen algún grado de parentesco, específicamente un total 116 parejas están emparentadas en tercer grado, 36 en segundo grado y 2 en primer grado.

Además, se determinó que el 84% de los toros pertenecientes a la empresa B, se encuentran emparentados con los de la empresa C. Mientras que el 100% de los toros de la empresa C se encuentran emparentados con los toros de la empresa B.

En cuanto a la consanguinidad individual, se observó que 12 individuos presentan niveles de consanguinidad (F) superiores a lo esperado en apareamientos entre individuos con al menos un abuelo en común (F>3,13). Mientras que los animales más emparentados fueron los toros Assertive y Absolute con un 53% de consanguinidad y los toros Game winner y Counselor con un 52% parentesco, todos de la empresa distribuidora B.

La figura 3 muestra una representación gráfica de los árboles familiares de los miembros de las parejas de toros Holstein Friesian Coyne-Farms Mass Jake-ET y Lars Acres Shot Trigger-ET, los cuales poseen un 54% de parentesco. Como puede observarse al comparar ambas genealogías, el alto grado de parentesco no necesariamente se puede deber un vínculo estrecho como el que se genera entre un padre y su hijo, el cual es de un 50%. También puede generarse por un efecto acumulativo a diferentes niveles de la genealogía materna y paterna de los toros. En este ejemplo, el pariente común más cercano es el toro GBR598172 que es padre de Lars Acres Shot Trigger-ET y tatarabuelo por vía materna de Coyne-Farms Mass Jake-ET. Posteriormente, a partir del toro ITA6001001962, ambos animales pertenecen a la misma línea paterna.

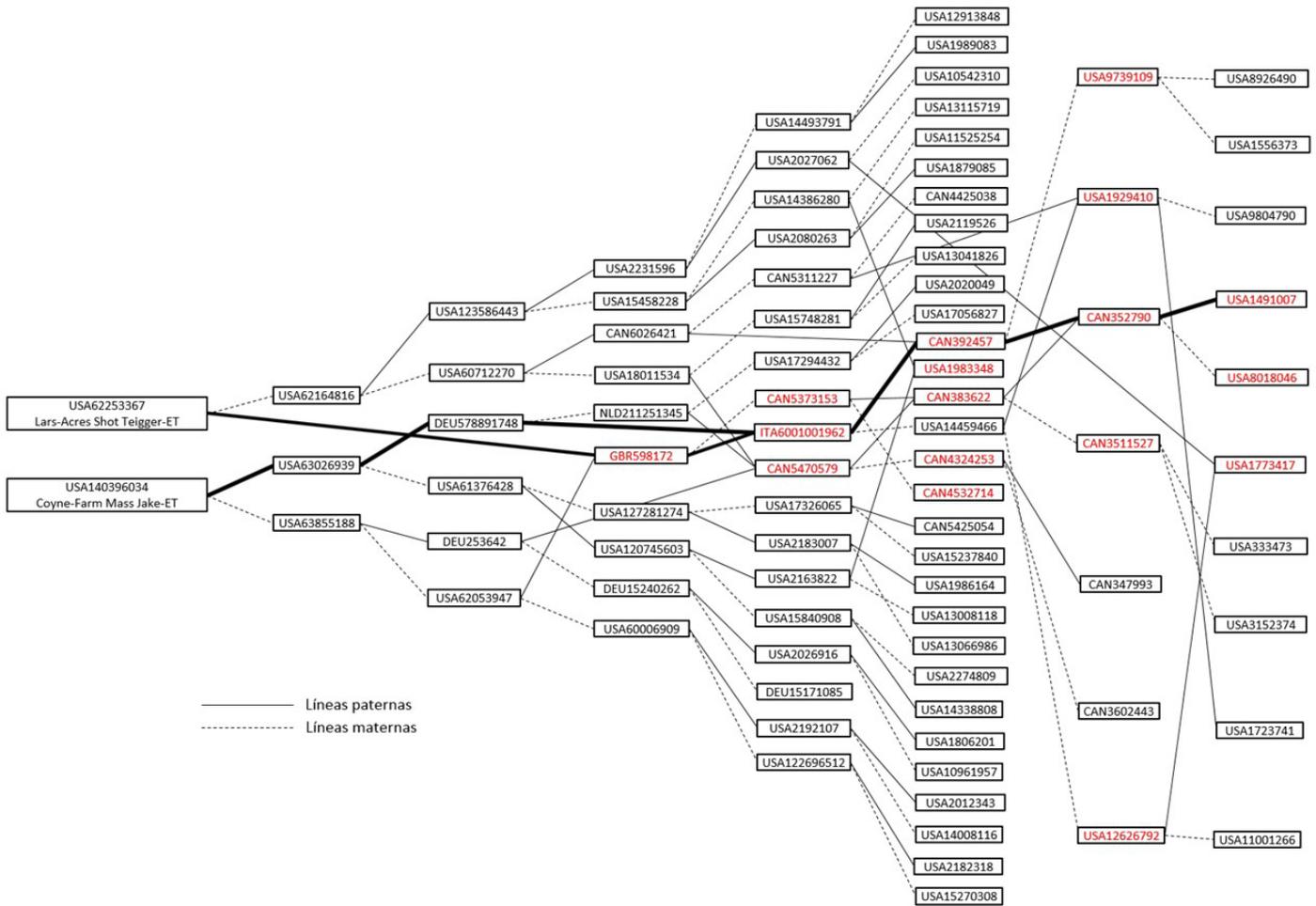


Figura 3. Representación de gráfica de los árboles genealógicos de los toros Coyne-Farms Mass Jake-ET y Lars Acres Shot Trigger-ET. Los animales en rojo representan a los ascendientes comunes ya sea por línea paterna o materna. Las líneas continuas en negrita representan a los ascendientes de líneas paternas para ambos animales.

Discusión

Los resultados anteriormente expuestos sugieren la necesidad de aumentar la rigurosidad tanto por parte de las empresas proveedoras como por parte de los productores, al momento de analizar la información genealógica de los toros cuyo semen se importa y comercializa en Chile. Lo anterior, teniendo en cuenta que la presión de selección realizada en los países de origen 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 la mayor parte de los toros comercializados se encuentran emparentados en menor o mayor grado. De ser así, la reducida cantidad de líneas familiares disponibles, sumado al uso de la IA, podría dar lugar a altos niveles de consanguinidad con efectos adversos sobre características productivas y reproductivas de la masa ganadera existente en Chile¹.

Muchos productores optan por cambiar periódicamente de empresas proveedoras de semen para así intentar incorporar nuevas líneas familiares. Esto, porque no debería observarse grandes grados de parentesco entre los toros de distintas empresas. A pesar de esto, los resultados del presente estudio revelan altos niveles

de parentesco filial entre toros de las empresas B y C, como es el caso de Lars-Acres Shot Trigger-ET (de la empresa B), Rhoman-Wai Mass y Coyne-Farms Mass Jake-ET (ambos pertenecientes a la empresa C), emparentados en más de un 50%, además de otros casos con niveles de parentesco importantes.

Lo anterior respalda la hipótesis de que el problema podría estar generándose en los países de origen de la genética comercializada en Chile, debido a un reducido número de líneas familiares a las que pertenecen los toros de los cuales se obtiene el semen, y no necesariamente en una falta de prolijidad por parte de los intermediarios. De hecho, según diversos estudios²⁸, el nivel de endogamia para ganado Holstein en EE.UU. se incrementó a una tasa de 0.3 % entre 1970 y 1980. Sin embargo, entre 1980 y 1998 dicha tasa se incrementó a un 0.63% por año¹.

Lo anteriormente planteado ha sido corroborado por trabajos más recientes en los que se ha dado cuenta que los niveles de endogamia en ganado Holstein son similares prácticamente en todo el mundo. Dicha situación es tan crítica que, desde el punto de vista genético, el ganado Holstein de EE.UU. no muestra una menor relaciones genealógicas entre sí, que el que tiene con el ganado Holstein de España, por poner un ejemplo. Las únicas excepciones entre los 15 países productores de ganado Holstein son Nueva Zelanda, Polonia y Suiza, en los que existirían líneas ancestrales diferentes²⁹.

Esto deja en evidencia la necesidad de que la información genealógica entregada por parte de los distribuidores de semen se lleve a cabo de manera más completa y transparente, con el fin de que los productores puedan realizar un análisis más exhaustivo sobre que toros elegir para su rebaño, pudiendo así, controlar los niveles de consanguinidad en los mismos.

Lamentablemente, en Chile solo recientemente se ha comenzado a comprender la importancia⁵ del mantenimiento y uso de los registros genealógicos y productivos en materia de gestión genética ganadera. Por tal motivo, las bases de datos no son lo suficientemente robustas como para poder ser analizadas adecuadamente⁷ y así poder detectar y cuantificar los efectos de la consanguinidad en los rebaños productivos. Como consecuencia de lo anterior, tampoco es posible estimar eventuales perjuicios económicos, que ya han sido reportados por diversos autores^{9,10,27,29,30,34}, y que se generan como consecuencia del surgimiento de malformaciones congénitas, disminución de la capacidad de respuesta inmune o por surgimiento de depresión endogámica.

Conclusiones

Según los resultados obtenidos en el presente estudio el 99,4% del total de toros de la raza Holstein Friesian, comercializados en Chile por las empresas B y C, se encuentran emparentados. Del mismo modo, contrastando el parentesco de toros pertenecientes a distintas empresas, se determinó que el 100% de los toros de la empresa B se encuentran emparentados con toros de la empresa C y viceversa.

En lo que respecta a Aberdeen Angus, los resultados indican que el 79%, del total de toros comercializados en Chile por ambas compañías, se encuentran emparentados. Del mismo modo, contrastando el parentesco de toros pertenecientes a cada proveedor, se determinó que el 84% de los toros de la empresa B se encuentran emparentados con toros de la empresa C, mientras que el 100% de los toros de la empresa C se encuentran emparentados con la empresa B. Es decir, la empresa B

logró incorporar a su oferta, 5 toros que no se encuentran emparentados con animales de la empresa C, al menos hasta la quinta generación de ascendientes.

De los resultados expuestos, se deduce que el conocer y gestionar adecuadamente la información genealógica de los rebaños es esencial para controlar de manera adecuada eventuales problemas derivados de consanguinidad, especialmente en rebaños que utilizan, en sus procesos de IA, *material genético proveniente especímenes altamente emparentados*.

Paralelamente es necesario potenciar la oferta de animales de países en los que prevalezcan líneas familiares distintas a las hasta ahora ofertadas en Chile, con el objetivo de introducir nuevas líneas y así aumentar la diversidad genética al interior de los rebaños.

Por otro lado, a pesar de que los productores tienen el derecho de pedir a sus proveedores información genealógica lo más completa posible, el problema no se solucionará mientras dichos productores no comprendan del todo la importancia de mantener registros que integren la información genealógica y productiva de los toros de inseminación con la información de los animales en los cuales se emplea el semen. Esto debido a que el grado de similitud genética puede tener su origen varias generaciones atrás en la ascendencia, por efecto acumulativo y no necesariamente, a causa de relaciones filiales estrechas.

Por último, es necesario que el Estado, a través de sus distintos servicios y departamentos, realice los esfuerzos necesarios para contar con un sistema oficial de registros que facilite la gestión de información y permita garantizar el mantenimiento de la variabilidad genética de los rebaños productivos existentes en el país.

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. Angus Australia. [acceso junio y julio de 2018].URL: <http://www.angusaustralia.com.au>.
4. American Holstein Association. [acceso junio y julio de 2018].URL: <http://www.holsteinusa.com>.
5. Caraviello DK, Weigel KA, Gianola D. Analysis of the relationship between types traits and functional in US Holstein cattle using a Weibull proportional hazards model. J Dairy Sci 2004; 87: 2677-2686.

6. Bezdíček J, Louda F. Relationship between inbreeding and the major histocompatibility complex: a review. *Slovak J Anim Sci* 2018; 51 (3): 119-127.
7. 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.
8. 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.* 2003a; 86: 2967-2976.
9. 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.* 2003b; 86: 2977-2983.
10. De la fuente L. Curso de Reproducción e Inseminación artificial en ganado Ovino y Caprino. Ovigen. Departamento de Producción Animal Universidad de León. 2016. [acceso enero de 2019]. URL: https://www.oviespana.com/images/imagenes/empresas/assaf/assaf_cursos/assaf_curso_13-4-16/assaf_curso_13-4-16_2/inseminacion_mejora_genetica.pdf.
11. Dutra F. Monstruosidades y enfermedades genéticas de los bovinos en Uruguay. Su importancia y significado. XLIV Jornadas Uruguayas de Buiatría, Paysandú, Uruguay.
12. Falconer D, Mackay TF. Introducción a la genética cuantitativa. 1ra ed. España. Editorial Acribia; 2001.
13. Fernández M. Consanguinidad en bovinos, lo que necesita saber. *Revista Angus* 2005; 229: 120-122.
14. Florio J. Consanguinidad en la ganadería bovina. *Manual de Ganadería doble propósito* 2005; 10: 129-134.
15. Guest B. Consanguinidad en bovinos. *Revista Angus Society Australia* 2008; 241: 54-55.
16. Gutierrez JP, Goyache F. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. *J Anim Breed Genet* 2003; 122: 357-360.
17. Hermas SA, Young CW, Rust JW. Effects of milk inbreeding on productive and reproductive performance of Guernsey cattle. *J Dairy Sci* 1987; 70: 712-715.
18. Malécot G. La consanguinité dans une population limitée. *C. R. Acad Sci Paris* 1946; 222: 841-843.
19. Meuwissen TI, y Luo Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet Sel Evol* 1992; 24: 305-313.
20. Miglior F, Szkotnicki B, Burnside EB. Analysis of levels of inbreeding and inbreeding depression in Jersey cattle. *J Dairy Sci* 1992; 75: 1112-1118.

21. Oficina de Estudios y Políticas Agrarias (ODEPA). Avance por producto – país de exportaciones / importaciones. [acceso septiembre de 2018]. URL: <https://www.odepa.gob.cl/avance-por-producto-pais-de-importacion-y-exportacion>.
22. Parland S, Kearney M, Rath JF, Berry M. Inbreeding effects on milk production, calving performance, fertility, and conformation in Irish Holstein Frisians. *J Dairy Sci* 2007; 90: 4411-4419.
23. Quaas RL. Computing the diagonal elements of a large numerator relationship matrix. *Biometrics* 1976; 32: 949-953.
24. Smith B. Medicina interna de grandes animales. Barcelona, España. GEA consultoría editorial S.L; 2010.
25. Smith LA, Cassell BG, y Pearson RE. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle *J. Dairy Sci.* 1998; 81: 2729-2737.
26. Sumreddee P, Toghiani S, Hay EH, Roberts A, Agrrey SE, Rekaya R. Inbreeding depression in line 1 Hereford cattle population using pedigree and genomic information. *Journal of animal Science* 2019; 97(1): 1-18.
27. Thompson J, Everett R, Wolfet C. Effects of inbreeding on production and survival in Jersey. *J Dairy Sci* 2000a; 83: 2131 – 2138.
28. Thompson J, Everett R, Hammerschmidt N. Effects of inbreeding on production and survival in Holsteins. *J Dairy Sci* 2000b; 83: 1856-1863.
29. Van Raden PM. Inbreeding Adjustments and Effect on Genetic Trend Estimates. Animal Improvement Programs Laboratory, Agriculture Research Service, United States Department of Agriculture. Proceedings of the 2005 Interbull meeting 2005; 33: 81-84
30. Velarde JLV. Consanguinidad y su importancia en el mejoramiento genético de la alpaca. Sistema de Revisiones en Investigación. Sitio Argentino de Producción animal. 2011. [acceso agosto de 2019]. URL: http://www.produccion-animal.com.ar/produccion_de_camelidos/Alpacas/20-consanguinidad.pdf.
31. Weigel KA y Lin SW. Controlling inbreeding by constraining the average relationship between parents of young bulls entering AI progeny test programs *J. Dairy Sci.* 2002; 85: 2376-2383.
32. Wiggans GR, VanRaden PM, Zuurbier YJ. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 1995; 78: 1584–1590.
33. Wright S. Evolution in mendelian populations. *Genetics* 1931; 16 (2): 97-159.
34. Wilk JC y McDaniel BT. Effect of inbreeding on heifer survival to first calving in Jerseys. *J. Dairy Sci.* 1996; 79: (Abst): 205.