

CÓMO GESTIONAR LA CONSANGUINIDAD DE LAS NOVILLAS II

La consanguinidad es una dificultad creciente en las razas puras con esquemas de selección intensivos, como es el caso de la raza Holstein. Afortunadamente, disponemos de algunas herramientas frente a los efectos adversos a evitar que nos ayudan a organizar estrategias de gestión eficaces.

JOSE-DANIEL-MARTINEZ-BELLO

Una de las claves radica en la **selección del semen** o los **toros** a utilizar en el rebaño. Reducir el número de toros a utilizar cada año, en contra de lo que pueda parecer, favorece la uniformidad del rebaño y facilita la selección de sementales de líneas diferentes para utilizar sobre las siguientes generaciones.

Utilización de programas informáticos

El **uso de softwares para los acoplamientos** es clave siempre y cuando cumplan dos requisitos importantes:

- Calcular la consanguinidad del apareamiento de un modo preciso (preferiblemente utilizando el dato genómico, cuando existe).
- Tener en cuenta el contenido de ambos progenitores en haplotipos recesivos, para lo cual es imprescindible disponer de datos genómicos tanto del macho como de las hembras.

Los **haplotipos recesivos** son genes que resultan letales para el embrión, el feto o el animal neonato, cuando se encuentran los dos alelos en el mismo animal (uno procedente del padre y otro de la madre). Con el aumento de la consanguinidad la probabilidad de esta coincidencia aumenta mucho. En este momento se conocen seis haplotipos con efecto perjudicial en el caso del Holstein que se nombran del 1 al 6 con las siglas HH (*Holstein haplo type*), siendo el sexto el último en ser descubierto en diciembre de 2018 en Francia. En la tabla adjunta (**tabla 1**) puede verse la frecuencia de presentación de cada uno de estos haplotipos en la población americana y su efecto conocido más marcado cuando coinciden en el embrión una copia del alelo procedente de cada progenitor.

Uso estratégico de la genómica

La **información genómica**, aparte de dar un valor más preciso de la consanguinidad y el contenido en haplotipos, permite, precisamente por esto, alcanzar valores más altos de consanguinidad sin que coincidan animales portadores de los 2 alelos. Basta con evitar padre y madre portadores del mismo haplotipo. Esto explica la existencia en el mercado de toros con alta

El uso de programas informáticos para los acoplamientos y disponer de datos genómicos son las mejores estrategias para rebajar la consanguinidad y reducir sus efectos adversos.

consanguinidad, en los que el altísimo valor genético ha compensado la depresión por consanguinidad, y los mayores efectos negativos se han minimizado evitando que coincidiesen haplotipos de padre y madre.

Conclusiones

En resumen, los pasos a seguir para gestionar la consanguinidad son:

- **Utilizar software** para la gestión de los acoplamientos.
- Siempre que sea posible **realizar test genómicos** para incorporar no solo los valores de los diferentes rasgos e índices sino también el contenido en haplotipos recesivos.
- **Seleccionar pocos toros para utilizar en el rebaño.** Reduciendo las líneas genéticas presentes en nuestro rebaño nos quedarán más líneas disponibles para utilizar en las generaciones siguientes. Existen determinados toros *outcross* (libres de los toros más frecuentes en la población) que pueden utilizarse para mantener niveles bajos de consanguinidad, sin sacrificar mucho potencial genético.
- **No dejar la mejora genética al azar**, sino desarrollar un plan de mejora global que también considere el control de la consanguinidad.
- **Aprovechar la vía hembra y las tecnologías embrionarias:** por medio de la genómica podemos seleccionar novillas superiores y también inferiores, y en el caso de las muy consanguíneas podemos usarlas como receptoras para evitar seguir aumentando su consanguinidad.

Fuente.

<https://blog.especialistasennovillas.es/posts/gestionar-consanguinidad-novillas-ii.aspx>

Clic Fuente



MÁS ARTÍCULOS