

Análisis preliminar del pedigrí de las razas bovinas lecheras Jersey y Brown Swiss en el Ecuador

Luis Cartuche^a, Napo Vargas^b, Mariam Pascual^c

^a Asociación Holstein Friesian del Ecuador AHFE. Quito - Ecuador (luiscartuche@hotmail.com).

^b Departamento de Ciencias Animales de Virginia Tech

^c Instituto Valenciano de Investigaciones Agrarias IVIA. Valencia-España (pascual_mde@gva.es).

Abstract— The objective of this study was to determine the levels of inbreeding in dairy populations of Jersey and Brown Swiss in Ecuador. For the estimation of inbreeding coefficients of animals a data base of 14457 records of Jersey and 59871 records of Brown Swiss was employed, from which 9745 and 6159 records of pure animals from both breeds were used. The analysis of the pedigree was made with CFC program. The means of the inbreeding coefficients of the whole population were 0.29 % and 0.12 % for the Jersey and Brown Swiss, respectively. The means of the inbreeding coefficient on the inbreeding population were of 7.5 % and 5.3 % in Jersey and Brown Swiss, respectively.

Keywords—; *inbreeding; dairy; pedigree analysis; Ecuador; Jersey; Brown Swiss*

I. INTRODUCCIÓN

En Ecuador, la ganadería de leche data de mediados del siglo pasado. La primera asociación de ganado lechero establecida fue la Asociación Holstein Friesian del Ecuador (AHFE) la cual empezó sus actividades en el año de 1942. Dentro de las principales actividades que se realizan están el control lechero, el registro genealógico y la evaluación lineal no solo de esta raza sino de otras razas como Jersey, Brown Swiss y Montbeliar. En el caso de las razas Jersey y Brown Swiss se llevan los registros genealógicos desde el año 1953 hasta la presente fecha.

En la actualidad, la intensa selección genética en ganado lechero para alta producción y para tipo ha generado que pocos toros con alto mérito genético sean usados, produciendo que los niveles de consanguinidad se incrementen y la diversidad genética de las poblaciones se vea disminuida. Así también, las tecnologías de reproducción asistida como la inseminación artificial y transferencia de embriones pueden contribuir a este fenómeno si no se manejan adecuadamente (Nicholas, 1996).

El análisis de registros genealógicos permite evaluar la consanguinidad y la diversidad genética de poblaciones. La consanguinidad se define como la probabilidad de que 2 alelos en un mismo locus sean idénticos por descendencia (Malecot, 1948). Esto se produce generalmente mediante el apareamiento de animales emparentados. El efecto de la consanguinidad dentro de las poblaciones es importante ya que produce un detrimento de los caracteres, especialmente los del orden reproductivo (Wiggans et al., 1995). Estimados de diversidad

genética permitirían disponer de información básica para el desarrollo de programas de mejora genética y de conservación.

En Ecuador, no existe información acerca de la consanguinidad y de la diversidad genética en razas lecheras, es por esta razón que el objetivo de este estudio fue determinar los niveles de consanguinidad de las razas Jersey y Brown Swiss mediante el análisis de los pedigrís.

II. MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se realizó en las instalaciones de la AHFE, ubicada en el cantón Quito, parroquia Conocoto.

A. Base de datos

La información de los registros genealógicos fue facilitada por la Asociación Jersey y Asociación Brown Swiss del Ecuador. Se obtuvieron 14457 registros de la raza Jersey y 59871 registros de la raza Brown Swiss, nacidos entre 1953 al 2013. Del total de registros se consideró solamente los animales puros. Posteriormente, se realizó una depuración de los registros para eliminar inconsistencias en los pedigrís tales como animales que aparecen como madre y padre, fechas de nacimiento incoherentes, y animales duplicados, entre otras. En la tabla I se resume esta información.

TABLA I. DESCRIPCIÓN DE LOS REGISTROS GENEALÓGICOS.

Raza	Registros genealógicos			
	Total	Puros	Eliminados	Efectivos
Jersey	14457	9939	194	9745
Brown Swiss	59871	8175	2016	6159

B. Análisis del pedigrí

Para el análisis del pedigrí se utilizó el programa CFC (Contribution, Inbreeding (F), Coancestry) desarrollado por Sargolzaei et al. (2006). Se calculó el número de animales evaluados, número de animales consanguíneos, número total de padres, número total de madres, número de animales fundadores y número de animales no fundadores. Así mismo, se calculó la consanguinidad de todos los animales del pedigrí.

Como animales fundadores se consideraron aquellos de los cuales no se conoce ni padre ni madre. Los coeficientes de

consanguinidad de todos los animales del pedigrí fueron calculados usando un algoritmo descrito por Sargolzaei et al. (2005), el mismo que se basa en el método indirecto propuesto por Colleau (2002). Este método estima los coeficientes consanguinidad usando la inversa de la matriz de parentesco (A). Este algoritmo puede ser usado para bases de datos con una gran cantidad de animales.

Los coeficientes de consanguinidad (F) fueron agrupados en 8 clases, cada clase con un intervalo de 5%. La primera clase inicia con un rango entre 0 a 5% y la última clase con un rango de 40% a 45%. Además, se obtuvo los promedios de consanguinidad de todos los animales del pedigrí, de los animales consanguíneos y el coeficiente de consanguinidad máximo y mínimo.

Estos análisis se realizaron a las dos bases de datos de las razas antes mencionadas por separado.

III. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A. Análisis del pedigrí

La estructura del pedigrí se muestra en la tabla II. Un total de 12665 y 9158 animales de las razas jersey y Brown Swiss respectivamente, fueron evaluados. El número de animales consanguíneos fue de 498 y 202 animales en la raza Jersey y Brown Swiss, respectivamente, mientras que el número total de padres y madres fue de 1199 y 5320 animales para la raza Jersey y 918 y 3299 animales para la raza Brown Swiss.

TABLA II. ESTRUCTURA DEL PEDIGRI DE LAS RAZAS LECHERAS EVALUADAS

Estructura del pedigrí	Raza	
	Jersey	Brown Swiss
Animales evaluados	12665	9158
Animales consanguíneos	498	202
Padres en total	1199	918
Madres en total	5320	3299
Fundadores	3086	3083
No fundadores	9579	6075
Solo con padre conocido	5	5
Solo con madre conocida	31	7
Con padre y madre conocido	9543	6063
Grupos de hermanos completos	628	488
Promedio del tamaño de la familia	2.26	2.29

Del total de animales evaluados (tabla II) el número de animales fundadores (padre y madre desconocidos) fue de 3086 y 3083, lo que equivale a un 24.40 % y 33.70 %, del total del pedigrí de las razas Jersey y Brown Swiss, respectivamente.

En la raza Jersey, el número de animales no fundadores fue de 9579 animales. Del total de animales no fundadores, 9543 animales tenían ambos padres conocidos, equivalente a 75.3%

del total de la población. Este valor fue menor con respecto al 95% obtenido por Stachowicz et al. (2011) para la raza Jersey de Canadá.

Para la raza Brown Swiss el número de animales no fundadores fue de 6075 de los cuales 6063 tenían ambos padres conocidos, equivalente a un 66.20% del total del pedigrí.

Los grupos de hermanos completos para la raza Jersey fueron de 628 con un promedio de tamaño de familia de 2.26. La raza Brown Swiss tuvo 488 grupos de hermanos completos con un promedio de tamaño de familia de 2.29.

B. Coeficientes de consanguinidad

Los niveles de consanguinidad estimados en las dos razas se muestran en la tabla III.

TABLA III. DISTRIBUCION DE LOS COEFICIENTES DE CONSANGUINIDAD DE LAS RAZAS LECHERAS EVALUADAS

Coeficientes de consanguinidad (%)	Raza	
	Jersey	Brown Swiss
$0 < F \leq 5$	268	119
$5 < F \leq 10$	85	49
$10 < F \leq 15$	70	25
$15 < F \leq 20$	6	4
$20 < F \leq 25$	66	3
$25 < F \leq 30$	2	2
$30 < F \leq 35$	0	0
$40 < F \leq 45$	1	0

Los valores medios de consanguinidad estimados en la población total, de los animales consanguíneos y los valores máximos y mínimos de consanguinidad se muestran en la tabla IV.

En la raza Jersey 268 animales tuvieron un coeficiente de consanguinidad entre 0 y 5% (tabla III) y 85 animales niveles de consanguinidad entre 5 y 10%. En la raza Brown Swiss 119 animales tuvieron un coeficiente de consanguinidad entre 0 y 5% seguido de 49 animales con un nivel entre el 5 y 10%.

El promedio de consanguinidad de toda la población de la raza Jersey fue de 0.29% (tabla IV), que es un valor menor al caso de población de Costa Rica (0.55 %, n=87072; Aguirre et al., 2013) y de México (1.4 %, n=21026; Ruiz et al., 2011). El promedio de consanguinidad de la población de animales consanguíneos fue de 7.5%, valor más alto al reportado por Aguirre et al. (2013) que fue de 2.68% en Costa Rica y al reportado por Ruiz et al. (2011) de 2.8 % en México. En cuanto a los valores mínimos y máximos se obtuvo 0 y 37.5% respectivamente, valores similares a los publicados por Aguirre et al. (2013).

TABLA IV. DISTRIBUCION DE LOS COEFICIENTES DE CONSANGUINIDAD DE LAS RAZAS LECHERAS EVALUADAS

Coeficientes de consanguinidad	Raza	
	<i>Jersey</i>	<i>Brown Swiss</i>
Promedio de coeficientes de consanguinidad de todos los animales (%)	0.29	0.12
Promedio de coeficientes de consanguinidad de animales consanguíneos (%)	7.50	5.30
Coeficiente de consanguinidad máximo (%)	37.50	28.00
Coeficiente de consanguinidad mínimo (%)	0.00	0.00

En la raza Brown Swiss, la consanguinidad promedio de toda la población fue de 0.12%. Este valor fue menor al promedio de 0.77% estimado por Worede et al. (2013) en poblaciones internacionales de Brown Swiss. La consanguinidad de la población consanguínea fue de 5.3% y los valores mínimos y máximo fueron 0 y 28%. La consanguinidad de la población total fue más baja y la de la población consanguínea fue similar a lo publicado por Ruiz et al. (2011; 2.8% y 5.1%, respectivamente) y mayor a la publicada por Ore et al. (2009) que fue de 3.6% (n=3616) en la población consanguínea de toros Brown Swiss de Perú.

IV. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

Esta es la primera vez en la que se estiman los niveles de consanguinidad de las razas Jersey y Brown Swiss mediante el análisis de pedigrí en Ecuador. Los promedios de consanguinidad estimados para las poblaciones puras de la raza Jersey y Brown Swiss (0.29% y 0.12%, respectivamente) indican un resultado positivo para las dos razas pero se debe considerar que los datos no son definitivos y deben ser manejados con precaución.

Un control exhaustivo en el momento del ingreso de los registros al programa de control genealógico de la asociación permitirá disminuir inconsistencias en el mismo, permitiendo de esta manera que futuros análisis sean precisos y rigurosos, que sirvan en el desarrollo de futuros programas de mejoramiento genético.

AGRADECIMIENTOS

Un agradecimiento a la Asociación Holstein Friesian del Ecuador y al Sr. Gustavo Navarro por su colaboración y apertura de las bases de datos de los registros genealógicos.

REFERENCIAS

- [1] J. Aguirre, B. Vargas, J. Romero, Efectos de la endogamia sobre parámetros reproductivos en vacas Holstein y Jersey de Costa Rica. *Agronomía Mesoamericana*, vol. 24, núm. 2, pp. 245-255 julio-diciembre, 2013.
- [2] J. Colleau, An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients. *Genetics Selection Evolution*, vol. 34, pp. 409-421. 2002
- [3] G. Malécot. *The Mathematics of Heredity*. Translated from the French edition (Paris, 1948), revised, and edited by Demetrios M. Yermamos. Freeman, San Francisco, 1969. pp., 92
- [4] F. W. Nicholas. Genetic improvement through reproductive technology. *Animal Reproduction Science* 42, pp. 205-214
- [5] C. Ore, N. Fuentes, y S. Mellisho, Estimación del coeficiente de consanguinidad de toros Brown Swiss registrados en el Perú, año 2003. *Rev. investig. vet. Perú [online]*, vol.20, n.2 , pp. 208-212. 2009.
- [6] M. Sargolzaei, H. Iwaisaki, and J. J. Colleau. A fast algorithm for computing inbreeding coefficients in large populations. *J. Anim. Breed. Genet.* 122: 325-331. 2005
- [7] M. Sargolzaei, H. Iwaisaki and J.J. Colleau. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. *Proc. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., CD-ROM Communication 27-28, Aug. 13-18, 2006.*
- [8] A. Ruiz, C. García, R. Núñez, R. Ramírez, R. López, J. García, Inclusión del coeficiente de consanguinidad en los modelos de evaluación genética de bovinos Jersey y Suizo Americano en México. *Revista Mexicana de ciencias pecuarias*. Vol. 2 (4), pp 381-391.2011.
- [9] K. Stachowicz, M. Sargolzaei, F. Miglior, F.S. Schenkel, Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. *Journal Dairy Science* vol 94, pp 5160-5175. 2011.
- [10] G.R. Wiggans, P.M. Van Raden y J. Zurbier. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. *Journal of Dairy Science* vol. 78, No. 7, pp 1584-1590. 1995.
- [11] G. M. Worede, F. Forabosco, B. Zumbach, V. Palucci and H. Jorjani. Evaluation of genetic variation in the international Brown Swiss population. *animal, Cambridge Journals. Animal, Breeding and genetics.* Volume 7, Issue 07, pp 1060-1066, July 2013.