



El riesgo de la consanguinidad en la raza frisona: ¿progreso acelerado o amenaza latente?

Ante la evidencia de que el uso intensivo de ciertos toros “récord” y sus descendientes está disparando los niveles de consanguinidad en las granjas, el objetivo principal de este artículo es alertar a los productores de que, por priorizar el TPI o la producción de leche, están repitiendo líneas genéticas de forma excesiva.

Federico Prieto
Veterinario de SAT ROTE (Zamora)

LA REALIDAD DE LAS CIFRAS

El panorama de la industria lechera mundial en el presente enfrenta una paradoja biológica. La consanguinidad en la frisona, la raza lechera más empleada en Occidente, no solo está en aumento, sino que lo hace a un ritmo acelerado. Los datos son contundentes: mientras que hace dos décadas el nivel de consanguinidad rondaba el 5 % y hace diez años se situaba en el 6 %, Lactanet Canadá situó el nivel medio de consanguinidad para las novillas frisonas nacidas en 2024 en un 9,99 % con un incremento anual del 0,25 %.

Este crecimiento exponencial de la consanguinidad debería generar una preocupación legítima entre los productores sobre la viabilidad a largo plazo de la población base.

¿Cuántos productores conocen el porcentaje de consanguinidad de su rebaño?, ¿cuántos de ellos la tienen en cuenta a la hora de seleccionar los toros con los que van a inseminar? En aras de mejorar el TPI o la leche, por ejemplo, ¿estamos repitiendo la misma línea genética una y otra vez en nuestra granja?

UNA MIRADA AL PASADO

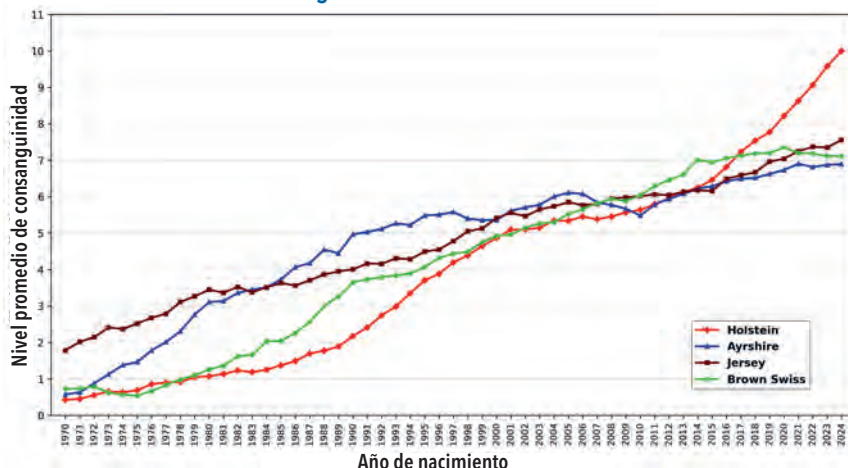
Años atrás, básicamente era casi imposible equivocarse a la hora de

escoger uno o varios toros del catálogo de semen, primero, porque, salvo casos muy puntuales, sus características iban a mejorar la genética de la granja: esos toros venían de rebaños élite, probados, con registros de producción de sus hijas y, sobre todo, en Europa, había una mayor “oferta” de líneas genéticas y “familias” distintas, mientras que la mayoría de las granjas partían con una base genética local y generalmente poco seleccionada.

Recuerdo el énfasis que hacíamos los veterinarios en persuadir a los productores de seleccionar toros por valores objetivos ligados a la pro-

► LO QUE ME LLEVA A ESCRIBIR ESTAS LÍNEAS ES MI CONVICCIÓN DE QUE, PROBABLEMENTE, DEBAMOS EMPEZAR A VOLVER A VER LOS PEDIGRÍS, A CONOCER LAS FAMILIAS DE LOS TOROS Y [...] A REPLANTEARNOS CÓMO ESTAMOS SELECCIONANDO A NUESTROS TOROS

Gráfica 1. Tendencias de consanguinidad en razas lecheras canadienses



ducción tales como TPI, NM\$, **leche, fertilidad, facilidad de parto, CCS**, etc., en lugar de basarse en los “obsoletos pedigris”; en enseñarles a leer los catálogos de sementales para escoger el que pudiese tener un mayor impacto en determinada característica o el que fuese más “completo” y mejorase varias.

Hoy en día, los productores manejan al dedillo esos catálogos, con muchas granjas teniendo una estrategia clara de selección basada en unos pocos puntos claves de acuerdo a sus necesidades: están las que seleccionan animales adaptados a robot de ordeño, las que buscan leche, sólidos, las que buscan fertilidad o

eficiencia alimenticia; también se demostró que razón no nos faltaba: la productividad de las vacas ha aumentado una barbaridad, la frisona promedio de hoy en día sería considerada una supervaca hace un par de décadas. Pero lo que me lleva a escribir estas líneas es mi convicción de que, **probablemente, debamos** ►

Cursos confirmados EILZA 2026

Formación On Line

- Aseguramiento de la calidad en la industria láctea. Parte 1
40 horas – 📅 Inicio 26 Enero
- Aseguramiento de la calidad en la industria láctea. Parte 2
40 horas – 📅 Inicio 27 Abril
- Metrología y calibración de equipos en la industria láctea
8 horas – 📅 Inicio 12 Enero

Certificados de Profesionalidad

- Certificado de Profesionalidad en Quesería
🏠 Presencial – ⌚ 420 horas + 40 horas prácticas – 📅 Inicio Finales Febrero
- Certificado de Profesionalidad en Elaboración de leches de consumo y pdtos. lácteos
🏠 Presencial – ⌚ 590 horas + 40 horas prácticas – 📅 Inicio Finales Febrero

Programa completo de Maestro Quesero

- 🏠 Mixto – ⌚ 97 horas + 40 horas prácticas – 📅 Inicio 27 septiembre

Estate atento a nuestra web: www.eilza.es para más formaciones.

empezar a volver a ver los pedigris, a conocer las familias de los toros y, obviamente, a sentarnos con nuestros asesores técnicos (veterinarios, casas distribuidoras de semen...), y replantearnos un poco cómo estamos seleccionando a nuestros toros.

Hoy en día la genética se ha internacionalizado, **nuestras vacas comparten una gran cantidad de ancestros con los toros elite** y lo más preocupante: cada vez menos líneas o familias de toros están disponibles. Si revisamos los catálogos de las grandes casas comerciales de semen —vale acotar que cada vez hay menos y las que quedan se fusionan y comparten material genético—, podemos ver que la inmensa mayoría de toros nuevos disponibles son hijos de unos tres o cuatro toros, lo cual es lógico, pues estos son los portadores de los mejores genes para los rasgos productivos más relevantes, pero, probablemente, también sean los padres de nuestras vacas, por lo que la “variedad de toros” es un poco un espejismo.

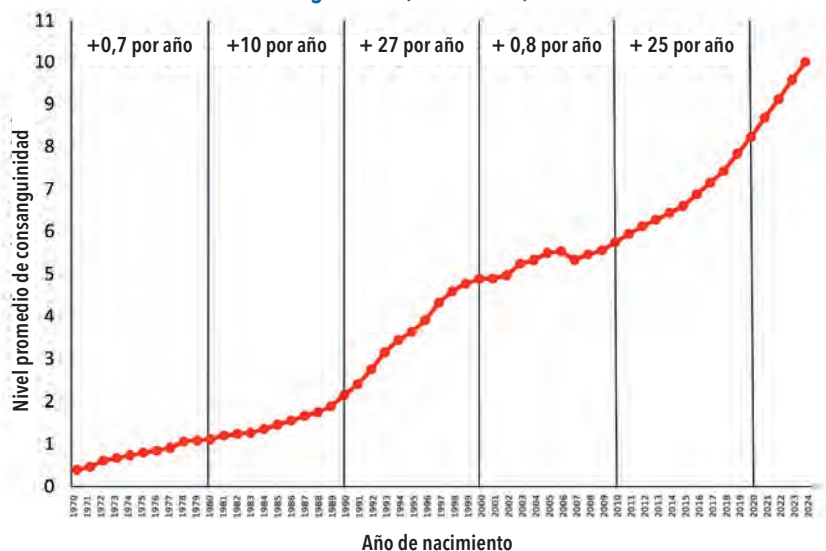
Sin embargo, para entender este fenómeno, no se debe ver la consanguinidad como un error aislado, sino como una consecuencia intrínseca de la **mejora generacional**. El progreso genético depende de la selección de individuos que poseen los genes más rentables, sanos y eficientes. Al concentrar estos rasgos positivos, inevitablemente se incrementa el parentesco entre los animales de élite.

EL DILEMA: CONSANGUINIDAD VS. MEJORA GENÉTICA

La relación entre selección y endogamia es causal. La selección genética busca fomentar la prevalencia de rasgos económicos clave mientras elimina aquellos rasgos que afectan a la salud o a la rentabilidad. En este contexto, la endogamia actúa como una herramienta que permite a los productores potenciar los mejores rasgos de su rebaño.

Uno de los mayores temores históricos ha sido la aparición de defectos genéticos letales. Apareamientos cercanos aumentan la probabilidad de que genes recesivos se manifiesten en la descendencia. Ejemplos críticos de esto son la malformación vertebral compleja (CVM), el defecto de retención intestinal de linfocitos bovinos (BLIRD) o la deficiencia de adhesión leucocitaria bovina (BLAD).

Gráfica 2. Evolución de la consanguinidad (1970-2024)



► REPETIR LA LÍNEA DE SANGRE MÁS POPULAR Y RECIENTE CAUSA MÁS DAÑO POR PUNTO PORCENTUAL QUE TENER ANCESTROS COMUNES CINCO O SEIS GENERACIONES ATRÁS

Asimismo, se han identificado haplotipos holstein específicos (HH1, HH6, HMW, etc.) que, al combinarse, resultan letales para el feto o afectan drásticamente a la fertilidad y, seguramente, en los próximos años se descubran nuevos haplotipos para la raza frisona.

Las investigaciones demuestran consistentemente que la endogamia reciente (largas rachas homocigotas en el genoma) tiene un impacto más fuerte que la endogamia más antigua y distante. Ablondi *et al.* (2023) descubrieron que los segmentos ROH (corridos homocigotas) más largos (más de 8 Mb, lo que refleja ancestros comunes recientes) tuvieron un efecto significativamente negativo en todos los rasgos de producción, mientras que los segmentos más cortos fueron menos consistentes. **Repetir la línea de sangre más popular y reciente causa más daño por punto porcentual que tener ancestros comunes**

cinco o seis generaciones atrás, es por esto que hablo de conocer el pedigrí de los toros que usaremos.

EL COSTE REAL DE LA CONSANGUINIDAD

Es común escuchar que la consanguinidad reduce la rentabilidad. Es un fenómeno estudiado y probado. No obstante, esto es más complejo que una simple regla de tres, en la cual al aumentar la consanguinidad vamos a ver una caída evidente de la producción y de los ingresos. Por eso, a pesar del aumento en la consanguinidad, nuestras vacas hoy en día producen más que nunca, preñan mejor y son más eficientes. En la raza frisona actual, **el impacto de la genómica es tal que nos ha permitido alcanzar una “velocidad de escape”** en lo referente a la consanguinidad. ¿Qué quiero decir con esto? Pues que hemos sido capaces de aumentar tanto los rasgos positivos que los efectos ►►



El **BIG DATA** para
los veterinarios y
las explotaciones
de vacuno de leche



100 % ONLINE



Diseñada por
VETERINARIOS
expertos



Gráficos y
análisis
sencillos



Accesible,
práctica y fácil
de usar



Optimización
de tiempo y
procesos

NUEVAS ALERTAS DE SECADO

Filtra a los animales de tu
rebaño con RCS altos y mamitis
clínicas para poder hacer la
receta del secado selectivo

Visita **nuestra web** y contáctanos

www.gando.es
gando@gando.es

► HEMOS SIDO CAPACES DE AUMENTAR TANTO LOS RASGOS POSITIVOS QUE LOS EFECTOS NEGATIVOS SON CASI IMPERCEPTIBLES (EN LO ECONÓMICO, NO EN LO BIOLÓGICO)



negativos son casi imperceptibles (en lo económico, no en lo biológico). El éxito de la genómica en los últimos años ha creado una población donde los beneficios del progreso genético superan, **hasta ahora**, los costes de la depresión por consanguinidad. Los datos demuestran que una vaca actual con un 9 % de endogamia es aproximadamente \$700 USD más rentable a lo largo de su vida que una de hace diez años con un 6 %, pero también tenemos mayor riesgo de tener problemas a largo plazo, ya lo vemos con reducciones de fertilidad, aumentos de reabsorciones, pezones ultra cortos, etc., problemas que, al irse acumulando, pueden perjudicar seriamente la rentabilidad de la granja además del riesgo de una **menor adaptabilidad**, una población genéticamente cada vez más uniforme es más vulnerable a enfermedades infecciosas y cambios ambientales.

GESTIÓN EN LUGAR DE PREVENCIÓN

La conclusión para el productor moderno es que la endogamia no debe prevenirse limitándola a un porcentaje arbitrario, lo cual frenaría la mejora genética, sino que debe gestionarse. El objetivo es encontrar el equilibrio entre la ganancia genética y el riesgo genómico basándose en:

- 1. Selección basada en índices:** utilizar índices que combinen producción, salud, longevidad y eficiencia antes de considerar el acoplamiento.
- 2. Diversidad de linajes:** priorizar toros de líneas alternativas. Si el pedigrí se remonta a los mismos tres sementales top en las últimas dos generaciones, el riesgo acumulado puede neutralizar el beneficio del índice. Solicite de modo específico padres con menor parentesco. Afortunadamente, en Europa esto es mucho más fácil de lograr que en otros países gracias al acceso a genética de poblaciones europeas, menos homogéneas y con una au-

téntica diferencia de pedigrí con respecto a la corriente principal norteamericana.

- 3. Identificación de haplotipos:** utilizar la genómica para evitar combinaciones que resulten en genes letales conocidos.
- 4. Acoplamiento de precisión:** utilizar programas de genotipado y acoplamiento para minimizar el impacto de la endogamia sin sacrificar el potencial de la descendencia.

En **conclusión**, tal como dice el refrán, buscar el progreso inmediato sin mirar las consecuencias podría ser **“pan para hoy y hambre para mañana”**. Sin embargo, en la frisona de 2026, la alta consanguinidad es el precio de una eficiencia sin precedentes. El desafío no es eliminar la consanguinidad, sino utilizar las herramientas genómicas para asegurar que el aumento en el parentesco no traiga consigo el colapso de la salud y la fertilidad que tanto ha costado mejorar. ■

RAIADO OU SALPICADO

DE SUPERFICIES DE FORMIGÓN

☎ 981 88 05 50
📞 641 55 06 56

**Remedio a pisos
escorregadizos**

- ✓ Reduce gastos veterinarios
- ✓ Aumenta a seguridade
- ✓ Aumento de celos

...

Speed Mam Color™

TEST RÁPIDO DE IDENTIFICACIÓN Y ANTIBIOGRAMA EN MASTITIS

Identifica en 48h las 8 principales bacterias implicadas en mastitis clínicas

48h



24h

Antibiograma en 24h con 14 opciones de antibióticos disponibles en veterinaria

CON SPEED MAM COLOR
PODRÁS UTILIZAR EL
ANTIBIÓTICO ADECUADO
DESDE EL PRIMER MOMENTO

Consulta aquí el video con las instrucciones
para la utilización de Speed Mam Color.



Virbac