

ARTÍCULO TÉCNICO

Rodrigo Alfredo Martínez¹,
Rodrigo Vásquez²,
Javier Vanegas³ y Marco Suárez⁴

ABSTRACT

Growth and wool production genetic parameters in sheep using mixed model methodology

This work was aimed at estimating genetic parameters from field-data recorded over a 26-year period (1974 to 1999) in a flock of Hampshire, Romney Marsh and Corriedale sheep. Genetic parameters were estimated from growth characteristics, wool production and reproduction. The models used included fixed effects, such as birth year, calving season, gender and number of births.

Direct, maternal and permanent environmental genetic effects were also included in the random component, depending on the characteristic. MTGSAM[®] software (using Gibbs' sampling algorithm) was used on a simple animal model for inferring variance components. Direct heritability values were found, ranging from 0.13 to 0.33 for birth weight, 0.16 to 0.35 for weaning weight (corrected to 120 days) and values around 0.25 for wool production. Annual mean tendency of genetic values and consanguinity indices were also determined for each of the breeds, resulting in 3.47% mean consanguinity for the Hampshire, 0.75% for Romney Marsh and 0.76% for Corriedale breeds. These results suggested a slight tendency for increased consanguinity values, but remaining in line with those expected for a conservation population.

Key words: mixed models, sheep, heritability, EPD (expected progeny differences), Gibbs' sampling algorithm.

Recibido: junio 14 de 2005.
Aceptado: junio 24 de 2006.

1. Investigador master asistente, Grupo de Recursos Genéticos y Biotecnología Animal, Centro de Investigación Tibaitatá, Mosquera (Cundinamarca), CORPOICA. e-mail: ramartinez@corpoica.org.co, rodmartin19@hotmail.com
2. Investigador master asociado, Grupo de Recursos Genéticos y Biotecnología Animal, Centro de Investigación Tibaitatá, Mosquera (Cundinamarca), CORPOICA. e-mail: rvasquez@corpoica.org.co
3. Tesista (zootecnia), Universidad de la Salle.
4. Investigador, Universidad Agraria de la Habana, Cuba.

Parámetros genéticos de crecimiento y producción de lana en ovinos usando la metodología de modelos mixtos

RESUMEN

En este trabajo se estimaron los parámetros genéticos a partir de datos de campo registrados durante 26 años (1974 a 1999) en un núcleo de las razas ovinas Hampshire, Romney Marsh y Corriedale. Se estimaron los parámetros genéticos de las características de crecimiento, producción de lana y reproducción. Los modelos utilizados incluyeron efectos fijos, como 'año de parto', 'época de parto', 'sexo', 'número de parto'; en el componente aleatorio también se incluyeron los efectos genéticos directo, materno y de ambiente permanente, dependiendo de la característica. Los análisis fueron hechos usando un modelo animal de característica simple mediante el programa MTGSAM[®] que emplea el algoritmo de muestreo de Gibbs para inferir los componentes de varianza. Se encontraron valores de heredabilidad directa que variaron entre 0,13 y 0,33 para peso al nacimiento y entre 0,16 y 0,35 para peso al destete corregido a 120 días y para caracteres de producción de lana, valores cercanos a 0,25. También se determinaron las tendencias anuales promedio de los valores genéticos y de los índices de consanguinidad para cada una de las razas, encontrando en términos generales valores promedio de consanguinidad de 3,47% para la raza Hampshire, 0,75% para Romney Marsh y 0,76% para Corriedale. Estos resultados sugieren una tendencia levemente creciente de los valores de consanguinidad, pero de acuerdo con lo que se espera para una población de conservación.

Palabras clave: modelos mixtos, ovinos, heredabilidad, diferencias esperadas de progeine (DEP), algoritmo de muestreo de Gibbs.

INTRODUCCIÓN

LA PRODUCCIÓN OVINA en el país se desarrolla en un nivel tecnológico bajo lo que se refleja en una reducida aplicación de nuevas técnicas en cada una de las áreas productivas. En cuanto la genética, la investigación se ha limitado al conocimiento de las razas y sus orígenes, mientras los estándares fenotípicos conocidos se originan en datos foráneos. Las razas ovinas introducidas han tenido un proceso adaptativo a nuestro medio, el cual no se ha medido y cuantificado mediante procedimientos estadísticos para evaluación genética, fenotípica y ambiental, que sirvan de base para hacer una selección más eficiente y poder predecir el cambio genético a través del tiempo en las razas ovinas.

Un modelo estadístico es una descripción matemática simplificada de cómo la producción de un individuo tiene lugar basado en consideraciones genéticas y medio ambientales. Algunos de los mecanismos numéricos utilizados para la solución de las ecuaciones que requie-

ren los modelos de evaluación genética son, entre otros, los procedimientos de Gauss-Seidel y de Jacobi reportados por Misztal y Gianola (1988), los métodos de matriz inversa de Takahashi, la utilización de la factorización de Choleski, los algoritmos de Newton Raphson citados por Neumaier y Groneveld (1988) y las técnicas de *sparse-matrix* (Van Vleck y Boldman, 1993); más recientemente se dispone de los métodos bayesianos como el muestreo de Gibbs que es un técnica de integración numérica que puede ser usada para la estimación de los componentes de varianza (Magnabosco *et al.*, 1998, 1999).

El objetivo del presente trabajo fue el de aplicar metodologías de modelo animal para estimar parámetros genéticos en tres poblaciones de ovinos introducidas (razas Hampshire, Romney Marsh y Corriedale), a fin de determinar las tendencias del progreso genético y los índices de consanguinidad, así como su efecto sobre caracteres productivos en el periodo de tiempo evaluado.



Grupo familiar Corriedale.

MATERIALES Y MÉTODOS

Los datos fueron tomados de los registros generados por las razas ovinas Hampshire, Romney Marsh, Corriedale, durante el período comprendido entre enero de 1974 a diciembre de 1999, en el Centro de Investigaciones San Jorge del Instituto Colombiano Agropecuario (ICA), ubicado en el municipio de Soacha, Cundinamarca.

Fueron analizados datos de 860 nacimientos, 687 destetes y 1.563 esquilas de la raza Hampshire; 2.850 nacimientos, 921 destetes y 2.055 esquilas de la raza Romney Marsh; y 1.450 nacimientos, 635 destetes y 1.112 esquilas de la raza Corriedale.

El registro de los animales comprendió: identificación, raza, identificación del padre y de la madre, año de nacimiento y época de nacimiento (en virtud del apareamiento estacional, la primera época es enero-marzo y la segunda época abril a junio), sexo, tipo de parto (cría simple: 1 o cría doble: 2), número de parto de la hembra (1, 2, 3, 4, 5 y 6 o más). Por su parte, el registro de comportamiento acopió datos sobre: peso al nacimiento, fecha de nacimiento, peso al destete, fecha del destete, peso del animal, peso de la lana, longitud de la lana y del vellón, variables que se midieron a los 6, 18, 30, 42, 54, 66, 78, 90 y 102 meses de edad, considerando ésta última como el límite mayor aceptado dentro del estudio por la baja cantidad de datos existentes a edades posteriores y porque los animales al llegar a esta edad son descartados.

Los registros se organizaron en hoja electrónica, teniendo en cuenta las características productivas: peso al nacimiento (PN), peso al destete corregido a 120 días (PDc120d), peso a los 6 meses de edad (P6m), peso de la lana a los 6 meses de edad (PL6m), longitud de la lana medida



Aprisco Hampshire.

antes de la esquila a los 6 meses de edad (LL6m), longitud del vellón medido después de la esquila a los 6 meses de edad (LV6m), peso a los 18 meses (P18m), peso de la lana a los 18 meses (PL18m), longitud de la lana medida antes de la esquila a 18 meses de edad (LL18m), longitud del vellón medido después de la esquila a 18 meses (LV18m), peso adulto (PA), peso de la lana a edad adulta (PLA), longitud de la lana medida antes de la esquila a edad adulta (LLA), longitud del vellón medida después de la esquila a edad adulta (LVA); además se tuvieron en cuenta características reproductivas como intervalo entre partos (IEP) y edad al primer parto (EPP).

Los datos se procesaron utilizando el programa SAS® (*Statistics Analysis System*). Mediante los procedimientos Sumary y Tabulate, se realizó la depuración y selección de la información. Empleando el procedimiento GLM (*General Linear Model*), con la opción de modelos desbalanceados, se establecieron los efectos fijos para cada una de las características analizadas, con diferencias a un nivel de significancia del 5% ($P \leq 0,05$).

La estimación de los componentes de varianza se realizó inicialmente utilizando el procedimiento VARCOMP (*Variance Components Estimation*) con la opción REML (*Restricted Maximum Likelihood*) del programa SAS® (datos no presentados). Estos resultados fueron utilizados posteriormente como valores de iniciación (*seeding*) en el módulo RUN del programa MGSAM (*Multiple Trait Gibbs Sampling Animal Model*) desarrollado por Van Tassel y Van Vleck (1996).

Para estimar los valores genéticos de las características PN y PDc120d se utilizó el modelo animal uni-carácter, representado así:

$$Y = X\beta + Z_1a + Z_2m + Z_3p + e$$



Ejemplares Romney Marsh.

modelo donde,

Y: vector de observaciones

β : vector de soluciones para efectos fijos

a: vector de efectos genéticos aditivos directos

m: vector de contribuciones maternas

p: vector de ambiente permanente

e: vector de efectos residuales no son explicados por el modelo

X: matriz de incidencia de los efectos fijos

Z: matriz de incidencia de los efectos aleatorios.

Los efectos fijos que se tuvieron en cuenta en este modelo son: año de parto: AP, número de parto: Np, tipo de parto: Tp, época de parto: Ep, sexo: S. La estructura de la matriz de (co)varianza para efectos aleatorios utilizando el modelo animal simple sería:

$$\text{Var} \begin{bmatrix} a \\ m \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\delta_a^2 & A\delta_{am}^2 & 0 & 0 \\ A\delta_{am}^2 & A\delta_m^2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & I_a\delta_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & I_n\delta_e^2 \end{bmatrix}$$

donde,

A: numerador de la matriz de parentesco

δ_a^2 : varianza aditiva genética directa

δ_m^2 : varianza aditiva genética materna

δ_{am}^2 : covarianza genética aditiva entre efectos genéticos directos y maternos

δ_{pe}^2 : varianza de ambiente materno permanente

δ_e^2 : varianza residual

I_d, I_n : matrices identidad con orden igual al número de animales con registro repetido (p) y número de registros (n).

Para las características P6m, PL6m, LL6m, LV6m, P18m, PL18m, LL18m, LV18m y EPP, solamente se incluyó el efecto directo debido a que para estos casos el efecto materno y ambiente permanente no fueron significativos; por su parte, para los caracteres PLA, LLA, LVA

e IEP se incluyeron los efectos directo y de ambiente permanente dentro del modelo (Tabla 1).

Para estas últimas cuatro características se utilizó un modelo animal unicarácter, representado así:

$$y = XB + Z1a + Z2p + e$$

Los efectos fijos ‘año de parto’ (AP) y ‘número de parto’ (Np) se tuvieron en cuenta para EPP e IEP, mientras que se consideraron ‘Año de parto’ y ‘sexo’ para el resto de caracteres .

La estructura de la matriz de (co) varianza para efectos aleatorios utilizando el modelo animal simple es:

$$Var \begin{bmatrix} a \\ p \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} A\delta_a^2 & 0 & 0 \\ 0 & I_a\delta_{pe}^2 & 0 \\ 0 & 0 & I_n\delta_e^2 \end{bmatrix}$$

donde,

A: numerador de la matriz de parentesco

I_d e *I_n*: matrices de identidad con orden igual a número de animales con registro repetido (p) y número de registros (n)
 δ_a^2 , δ_{pe}^2 y δ_e^2 : varianzas aditivas genéticas directa, de ambiente permanente y residual, respectivamente.

Por último, mediante la utilización del módulo NRM del programa MTGSAM® se calculó el coeficiente de consanguinidad de cada población. Se eliminaron los animales que no poseían información de sus progenitores a excepción de la población inicial llamada ‘fundadora’ donde no existe historia genealógica; y se agruparon por año para determinar las tendencias anuales promedio de las tres poblaciones y se calcularon los valores de correlación con las tendencias de las Diferencias Esperadas de Progenie (DEP) anuales promedio.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Parámetros genéticos

Los índices de heredabilidad estimados para las características PN y PDC120d

se presentan en la Tabla 2, donde se puede apreciar valores de heredabilidad total de magnitud media para PN con parámetros que varían entre 0,18 y 0,38. Los valores presentados coinciden con lo presentado por Tosh y Kemp (1994) para PN, pero superan a los reportes de Dzakuma *et al.* (1978) para PDC120d. En cuanto a esta última característica, se presentó un valor alto para la raza Hampshire (0,55) y valores intermedios para las otras razas (0,29 y 0,26 para Romney Marsh y Corriedale, respectivamente) lo cual coincide con lo reportado por Fossceco y Notter (1995), quienes obtuvieron valores de $0,27 \pm 0,089$ para peso al destete y utilizando el modelo animal. Estos valores también son similares a los reportados por Mandal *et al.* (2003) quienes encontraron que la heredabilidad para todos los pesos corporales a diferentes edades fue moderada (0,18 a 0,26, excepto para peso al nacimiento con una heredabilidad baja ($0,068 \pm 0,01$)). Igualmente en la Tabla 2 se muestran los componentes de varianza: aditiva directa, materna, la correlación genética entre efectos aditivos directos y maternos, las varianzas de ambiente permanente, residual y la fenotípica total.

En las tres razas, para la característica PN, la varianza materna fue baja en proporción a la varianza fenotípica total (5,3 a 6,5%) mientras que la varianza aditiva directa presentó una mayor proporción (13 a 33%); estos valores que son similares a los reportados por Hanford *et al.* (2003) en una población de ovinos de la raza Targhee, donde encontraron valores de heredabilidad aditiva directa de $0,2 \pm 0,02$, pero superiores para los valores aditivos maternos donde reportan una magnitud de $0,25 \pm 0,01$. Además, muestra un valor de covarianza bajo y positivo entre los efectos directos y maternos, contrario al valor negativo que se encontró en estas poblaciones con excepción de la raza Romney Marsh.

En la característica PDC120d el componente genético materno presenta una mayor participación en la variación fenotípica total (9,4 a 20%), con el menor valor para la raza Corriedale, lo que indica que para este carácter tendría mayor importancia la calidad genética de la hembra para producción de leche que permite destetar corderos mas pesados (Tabla 2). Contrario a esto, Hanford *et al.* (2003) reporta valores de heredabilidad directa mayores ($0,22 \pm 0,02$)

Tabla 1. Fuentes de variación fijas y aleatorias por característica productiva y reproductiva en tres razas ovinas introducidas.

Carácter	Abreviatura	Efectos fijos	Efectos aleatorios
Peso al nacimiento	PN	AP, Ep, S, Np, TP	Directo, materno y permanente
Peso destete corregido a 120 días	PDC120d	AP, Ep, S, Np, TP	Directo, materno y permanente
Peso a los 6 meses	P6m	AP, S	Directo
Peso de lana a 6 meses	PL6m	AP, S	Directo
Longitud de lana a 6 meses	LL6m	AP, S	Directo
Longitud de Vellón a 6 meses	LV6m	AP, S	Directo
Peso a los 18 meses	P18m	AP, S	Directo
Peso de lana a 18 meses	PL18m	AP, S	Directo
Longitud de lana a 18 meses	LL18m	AP, S	Directo
Longitud de vellón a 18 meses	LV18m	AP, S	Directo
Peso Adulto	PA	AP, S	Directo
Peso de lana Adulto	PLA	AP, S	Directo, permanente
Longitud de lana Adulto	LLA	AP, S	Directo, permanente
Longitud de Vellón Adulto	LVA	AP, S	Directo, permanente
Intervalo entre Partos	IEP	AP, Np	Directo, permanente
Edad al Primer Parto	EPP	AP, Np	Directo

AP: año de parto; Ep: época de parto; S: sexo; Np: número de parto; Tp: tipo de parto.

y menores para heredabilidad materna ($0,11 \pm 0,01$).

La varianza de ambiente permanente para PN arrojó valores entre 20 y 47% de la varianza fenotípica total, indicando una alta proporción de la variación debida a diferencias entre registros repetidos en las hembras, lo que llevaría a la obtención de valores de repetibilidad altos, situación que también ocurre con el PDc120d, pues las varianzas presentaron diferencias más marcadas entre razas, con bajos valores en Hampshire y mayores valores en Romney Marsh (9,7 y 46% de la varianza fenotípica total). En general, estos valores son superiores a los reportados por Hanford *et al.* (2003) (0,08 y 0,06 para PN y PDc120d, respectivamente).

En cuanto a P6m, PL6m, LL6m y LV6m se utilizó un modelo que sólo contemplaba efectos aditivos directos, debido a que para esta edad fue poco significativo el efecto de la madre sobre el comportamiento de los caracteres; en este caso se encontraron valores intermedios cercanos a $h^2 = 0,25$ y para los caracteres evaluados a los 18 meses, un valor de $h^2 = 0,24$ mostrando una desviación más alta por tener bajo número de datos (Tabla 3). Estos valores de parámetros genéticos son muy inferiores a los reportados por Warwick y Legates (1988) (0,40 para caracteres de lana) y Hanford *et al.* (2003) (0,54 y 0,65 para peso y longitud, respectivamente), pero superiores a lo encontrado en otras razas criollas.

Para la característica reproductiva IEP se encontraron valores que variaron entre $0,22 \pm 0,099$ en la raza Hampshire y $0,25 \pm 0,083$ en la raza Corriedale; valores similares se encontraron en EPP con variación entre $0,10 \pm 0,036$ en la raza Romney Marsh y $0,25 \pm 0,09$ en las razas Hampshire y Corriedale.

En cuanto a las características evaluadas a edad adulta, se encontraron valores bajos para PA, que variaron alrededor de 0,15; similar comportamiento exhibieron los caracteres de producción de lana como LVA, con valores que variaron entre 0,04 – 0,13 en las razas Corriedale y Hampshire, respectivamente. Respecto del carácter LLA se registraron valores muy bajos (0,03 a 0,10), pero para PLA se encontraron heredabilidades levemente superiores (0,07 a 0,22), valores que son inferiores a lo reportado por Warwick

Tabla 2. Componentes de varianza y valores de heredabilidad para características de crecimiento evaluadas en tres razas ovinas.

Característica	Hampshire		Romney Marsh		Corriedale	
	PN	PDc120d	PN	PDc120d	PN	PDc120d
σ_a^2	0,606	9,801	0,185	4,856	2,4	12,393
σ_m^2	0,105	5,485	0,074	4,027	0,829	6,826
σ_{am}	-0,13	-40,588	0,107	-29,360	-4,01	-5,879
σ_{pe}^2	0,651	2,655	0,662	4,660	2,65	33,7
σ_e^2	0,472	9,467	0,460	16,566	2,13	19,4
σ_p^2	1,834	27,407	1,381	30,150	12,75	72,319
h_d^2	0,331	0,358	0,134	0,161	0,188	0,171
h_m^2	0,057	0,200	0,053	0,134	0,065	0,094
h_t^2	0,388	0,558	0,187	0,295	0,253	0,266
pe^2	0,355	0,097	0,479	0,155	0,208	0,466
e^2	0,257	0,345	0,333	0,549	0,167	0,268

σ_a^2 = varianza aditiva directa, σ_m^2 = varianza materna, σ_{am} = covarianza entre efectos directo y materno, σ_{pe}^2 = Varianza de ambiente permanente, σ_p^2 = varianza fenotípica total, σ_e^2 = varianza del error, h_d^2 = heredabilidad directa, h_m^2 = heredabilidad materna, h_t^2 = heredabilidad total, pe^2 = varianza de ambiente permanente como proporción de σ_a^2 , e^2 = varianza del error como proporción de σ_a^2 .

Tabla 3. Valores de heredabilidad de características de producción y reproducción evaluadas en tres razas ovinas.

Característica	Abreviatura	Hampshire		Romney Marsh		Corriedale	
		h^2	DS	h^2	DS	h^2	DS
Peso a los 6 meses	P6m	0,25	0,093	0,25	0,052	0,13	0,065
Peso de lana a 6 meses	PL6m	0,25	0,093	0,25	0,052	0,25	0,098
Longitud de lana a 6 meses	LL6m	0,25	0,093	0,25	0,052	0,24	0,095
Longitud de vellón a 6 meses	LV6m	0,25	0,093				
Peso a los 18 meses	P18m	0,24	0,171	0,25	0,145	0,25	0,311
Peso de lana a 18 meses	PL18m	0,25	0,174	0,25	0,145		
Longitud de lana a 18 meses	LL18m	0,24	0,170	0,25	0,145	0,25	0,311
Longitud de vellón a 18 meses	LV18m	0,24	0,170	0,25	0,145	0,25	0,311
Peso adulto	PA	0,13	0,063	0,15	0,052	0,16	0,086
Peso de lana adulto	PLA	0,07	0,060	0,21	0,077	0,22	0,106
Longitud de lana adulto	LLA	0,10	0,073	0,07	0,045	0,03	0,043
Longitud de vellón adulto	LVA	0,13	0,084	0,05	0,041	0,04	0,046
Intervalo entre partos	IEP	0,22	0,099	0,25	0,056	0,25	0,083
Edad al primer parto	EPP	0,25	0,092	0,10	0,036	0,25	0,083

Tabla 4. Valores de repetibilidad para características de producción y reproducción evaluada en tres razas ovinas.

Característica	Abreviatura	Hampshire		Romney Marsh		Corriedale	
		Repet.	DS	Repet.	DS	Repet.	DS
Peso al nacimiento	PN	0,74	0,021	0,66	0,016	0,46	0,008
Peso destete corregido a 120 días	PDc120d	0,80	0,032	0,44	0,021	0,73	0,023
Peso de lana adulto	PLA	0,28	0,01	0,27	0,11	0,19	0,01
Longitud de lana adulto	LLA	0,76	0,03	0,47	0,03	0,17	0,11
Longitud de vellón adulto	LVA	0,72	0,01	0,39	0,04	0,18	0,08
Intervalo entre partos	IEP	0,22	0,059	0,92	0,008	0,83	0,023

y Legates (1986) para características de lana en la edad adulta.

Respecto de las últimas características a edad adulta los resultados muestran que la correlación entre fenotipo y genotipo es reducida; sin embargo, hay mayor influencia genética sobre el fenotipo en las características medidas a edad temprana (PN, PDc120d, GPnd, P6m, PL6m, LL6m, LV6m y EPP) en la que se encontraría mayor respuesta a un programa de mejoramiento, a diferencia de las características medidas a edad adulta. Por otro lado, al compararlas con las mediciones a los 18 meses, presentan un índice similar pero con mayor desviación dando menos exactitud en el cálculo y, por consiguiente, menos confianza en la selección.

En los resultados expuestos (Tabla 4) se hallaron valores de repetibilidad altos en la característica PDc120d con valores que van de 0,44 a 0,80 en las razas Romney Marsh y Hampshire, respectivamente; así mismo, para PN con 0,46 a 0,74 en las razas Corriedale y Hampshire, respectivamente, siendo mayores a los reportados por Bourdon (2000) quien reporta valores de 0,35 y 0,25. Por otro lado, para las características de la lana como LLA se encontraron valores muy variables (entre 0,17 y 0,76) y LVA con (0,18 y 0,72). Por el contrario, presentan baja repetibilidad el PLA, con valores entre 0,19 a 0,28, siempre con los menores valores en la raza Corriedale. Este último está de acuerdo con Gabiña (1989) quien reporta valores de repetibilidad de 0,10 a 0,16 en rebaños de raza Aragonesa. En general, los cálculos mostraron una desviación baja que incrementa la confianza del análisis.

Tendencia de valores fenotípicos

El valor promedio para PN en las poblaciones Hampshire (n= 1.654), Romney Marsh (n= 1.164) y Corriedale (n= 682) fue de $3,93 \pm 0,29$ kg, $3,89 \pm 0,25$ kg y $3,85 \pm 0,55$ kg, respectivamente. El coeficiente de variación fue de 7,35%, 6,57% y 14,33% para cada una de las razas citadas, lo que indica alta uniformidad en la dispersión de los datos; estos valores son inferiores a los reportados por Tosh y Kemp (1994) para la raza Hampshire. En esta población ovina se observa una tendencia a aumentar el valor de PN en $0,007$ kg/año ($P > 0,05$) según la ecuación de regresión ($y = 3,37 + 0,007x$) ($r^2 =$

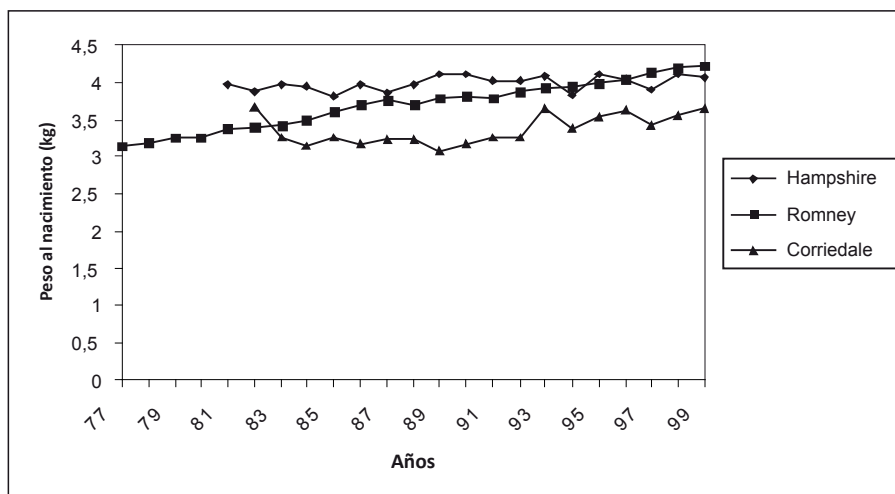


Figura 1. Tendencia anual del peso al nacimiento en tres razas ovinas evaluadas durante 23 años.

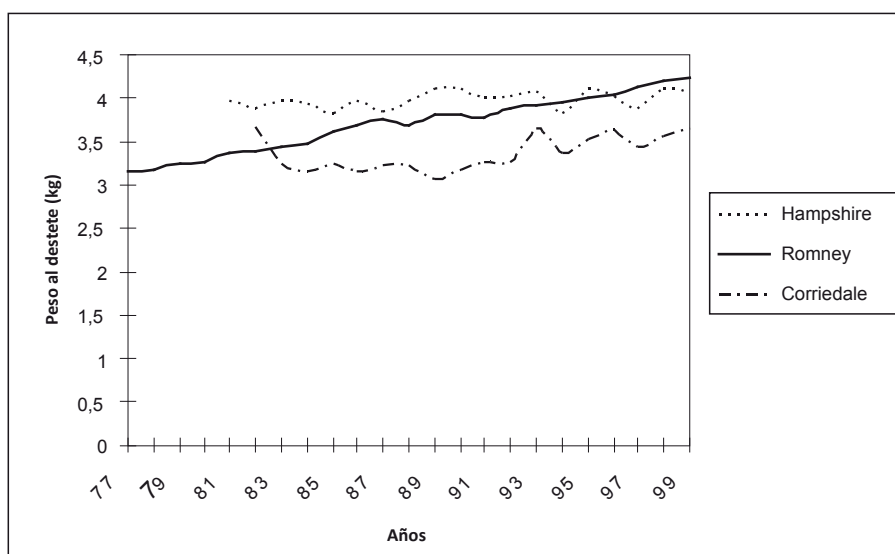


Figura 2. Tendencia del peso al destete en tres razas ovinas evaluadas durante 19 años.

0,71). Para la población Romney Marsh se encontró un aumento progresivo del PN mayor al de las otras razas con $0,05$ kg/año ($P < 0,05$) según la ecuación de regresión ($y = -0,52 + 0,05x$) ($r^2 = 0,98$) y para la población Corriedale, el PN asciende progresivamente en $0,02$ kg/año ($P < 0,05$) el cual puede ser descrito por la ecuación de regresión ($y = 1,6 + 0,02x$) ($r^2 = 0,22$) (Figura 1). En términos generales, se puede apreciar una tendencia de incremento en el PN para todas las razas, pero es necesario determinar si este comportamiento obedece a efectos ambientales o genéticos, lo cual se comprueba por la tendencia de sus valores genéticos.

Respecto del PDc120d, se obtuvieron valores promedio para la raza Hampshire de $22,36 \pm 1,39$; para la Romney Marsh

de $20,55 \pm 1,25$ y para la Corriedale de $17,36 \pm 1,37$ kg, encontrando menores valores a los reportados para las razas Romney y Corriedale y confirmando el mejor comportamiento de la raza Hampshire.

Durante el período evaluado, la población Hampshire mostró el mayor aumento en el PDc120d con $0,039$ kg/año ($P < 0,05$) según la ecuación de regresión ($y = -3,63 + 0,039x$) ($r^2 = 0,89$). Para la población Romney Marsh el PDc120d presenta también un aumento progresivo de $0,035$ kg/año ($P < 0,05$) según la ecuación de regresión ($y = -11,38 + 0,035x$) ($r^2 = 0,66$). En la población Corriedale se observó un incremento del valor promedio anual del PDc120d en el período evaluado de $0,026$ kg ($P < 0,05$) el cual es menor que en las otras poblaciones; su comportamiento

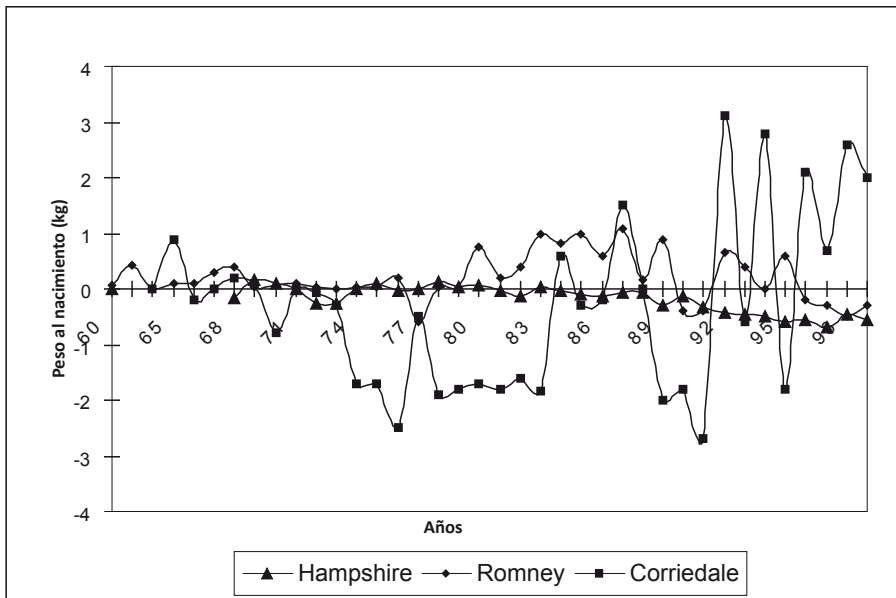


Figura 3. Tendencias de las diferencias esperadas de progenie (DEP) para peso al nacimiento en tres razas ovinas evaluadas durante un período de 39 años.

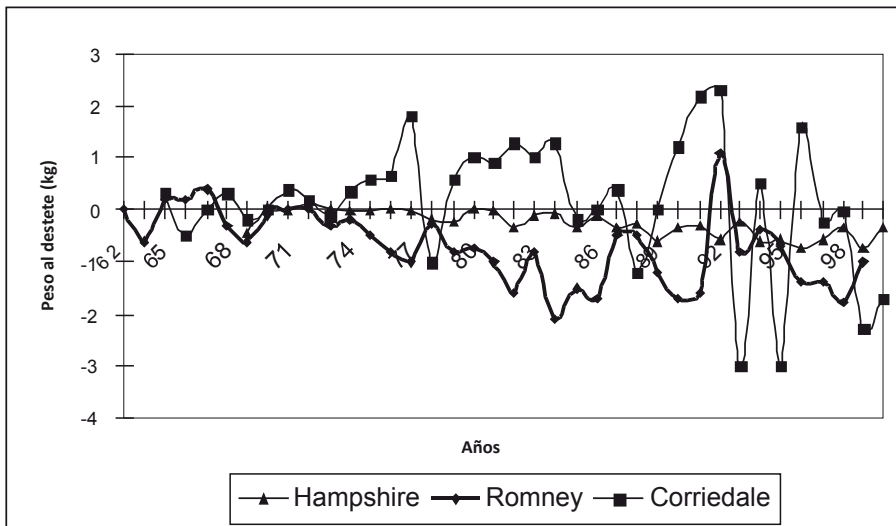


Figura 4. Tendencia de las diferencias esperadas de progenie (DEP) para peso al destete en tres razas ovinas evaluadas durante un período de 38 años.

se describe con la ecuación $y = -6,77 + 0,026x$ ($r^2 = 0,53$) (Figura 2).

Tendencias de las diferencias esperadas de progenie

Se utilizó el modelo animal de característica simple aplicando la metodología de inferencia bayesiana mediante el programa MTGSAM[®], el cual emplea el algoritmo de muestreo de Gibbs para inferir las diferencias esperadas de progenie (DEP) individuales; no obstante, en este caso se realizaron análisis poblacionales determinando los promedios anuales para establecer su tendencia mediante el empleo de ecuaciones de regresión.

En la población Hampshire se encontró que los animales nacidos antes de 1983 presentaron valores genéticos positivos en promedio para PN, es decir, con valores por encima del promedio general de la población, mientras que animales nacidos en años posteriores presentaron valores negativos en su gran mayoría; además, se observa que la DEP para PN disminuye en 0,022 kg/año a través de los años según la ecuación de regresión [$y = 1,65 + (-0,022x)$] ($r^2 = 0,66$) (Figura 3).

Al tomar el promedio anual de DEP para la característica PDC120d se observa que, al igual que en el caso anterior, se presentaron valores negativos o por

debajo del promedio de la población. Sin embargo, existe mayor variabilidad, pues se encuentra un buen número de animales que tiene su valor genético por encima del promedio de la población, como sucedió en los años 92, 97 y 99. En términos generales, se encontró un descenso progresivo en los valores anuales promedio de 0,019 kg/año según la ecuación de regresión [$y = 1,36 + (-0,019x)$] ($r^2 = 0,52$) (Figura 4).

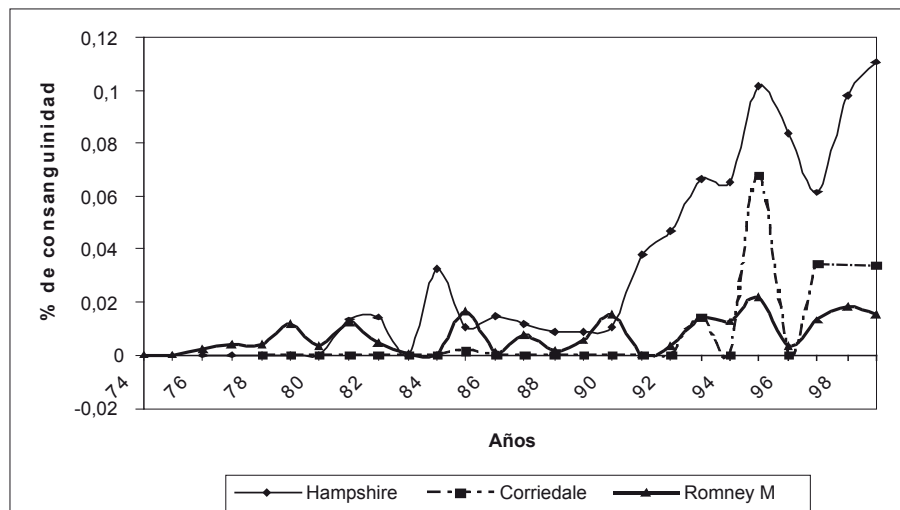
Para la población Romney Marsh los valores genéticos para PN están por lo general encima del promedio de la población, destacándose los animales nacidos en los años 1981, 1987, 1989, 1992 y 1995. Por otra parte, basados en DEP se observó una disminución no significativa de 0,001 kg/año en el PN según la ecuación de regresión [$y = 0,31 + (-0,001x)$] ($r^2 = -0,03$) (Figura 3). Aunque hay que tener en cuenta en este y los siguientes casos el coeficiente de regresión es bajo y no significativo. La reducción en el PDC120d es más marcada al descender en 0,024 kg/año según la ecuación de regresión [$y = 0,27 + (-0,024x)$] ($r^2 = 0,11$); sin embargo en promedio sobresalen los años 91, 94 y 98, quienes superan el promedio de la población (Figura 4).

En la población Corriedale los valores genéticos de PN presentan un aumento no significativo de 0,038 kg/año ($y = -3,46 + 0,038x$) ($r^2 = 0,04$) teniendo en cuenta que, en general, los animales presentan valores superiores al promedio de la característica sobresaliendo los nacidos en los años 1992, 1994, 1996 y 1998 (Figura 3). Por su parte, en el análisis del PDC120d los animales nacidos hasta el año 1986 presentan DEP muy cercanos al promedio de la población; posteriormente (entre 1991 y 1993) muestran tendencia a aumentar, no siendo suficiente para superar los valores negativos que presentan los animales nacidos en los años 1992, 1994, 1996 y 1998^a así, se presentó una disminución anual no significativa de 0,034 kg ($y = 2,8 + (-0,034x)$) ($r^2 = 0,05$) (Figura 4).

De lo anterior se concluye que el incremento en los valores fenotípicos para PN no están relacionados con el mejoramiento genético, pues sus DEP tienden a disminuir o mantenerse estables, al igual que ocurre para PDC120d para las tres razas. Se debe tener en cuenta que estas poblaciones pertenecen a bancos de germoplasma para conservación de su

Tabla 5. Número de animales por raza que presentan índices de consanguinidad y promedios para cada raza.

Raza	Hampshire	Romney Marsh	Corriedale
No. total de individuos	1.453	3.614	1.823
No. de individuos consanguíneos	497	287	369
Índice de consanguinidad general (%)	3,476	0,769	0,752

**Figura 5.** Tendencias de los índices de consanguinidad calculados durante un período de 26 años en tres razas ovinas introducidas.

variabilidad genética y allí no se practican procedimientos de selección. Así, los resultados obtenidos son consistentes y están de acuerdo con el manejo que se da a la población.

Tendencias de los índices de consanguinidad

Utilizando la matriz de parentesco y los cálculos de consanguinidad realizados mediante el módulo NRM del programa MTGSAM[®] se determinó el número de individuos consanguíneos así como los promedios de la población nacida cada año para determinar la magnitud de la consanguinidad y su tendencia.

En términos generales se encontró el mayor valor para la raza Hampshire con 3,476%, la cual es muy superior al obtenido en la raza Corriedale (0,769%) y Romney Marsh (0,752%) (Tabla 5), las cuales presentan valores bajos si se tiene en cuenta que, según Enkabrack y Knigh (1993), cada 1% de aumento en consanguinidad se ven afectados el peso al destete en 0,5 kg/año y la tasa reproductiva disminuye en 1%. Estos valores altos de consanguinidad pueden ser debidos a la estructura genética de cada una de estas razas (núcleos cerrados) y el manejo que han sido sometidos, lo

que puede estar afectando su comportamiento productivo y reproductivo.

En la Figura 5 se ve la tendencia de los últimos 26 años para los índices promedio de consanguinidad. Se pueden apreciar valores bajos y con cálculos poco precisos, pues no se tiene la información completa de los ancestros de tales generaciones; no obstante, a medida que transcurren los años se va completando esta información y así mismo los valores de consanguinidad comienzan a aumentar, siendo esta tendencia más marcada en la raza Hampshire que comienza a mostrar incrementos a partir del año 1984 y su ascenso se acelera a partir del año 90.

Una tendencia diferente muestran las razas Romney Marsh y Corriedale, las cuales muestran fluctuaciones no muy marcadas a través de los años y sólo la raza Corriedale comienza a mostrar algunos aumentos hacia el año 1996 que posteriormente parece controlarse por el tipo del apareamiento producto de la formación de los bancos de germoplasma que manejan un sistema de apareamiento circular cíclico para controlar los índices de consanguinidad.

A manera de análisis exploratorio se calcularon los valores de correlación entre las DEP y el coeficiente de consanguinidad y se encontró que en la raza

Hampshire las correlaciones para PN y PDC120d fueron respectivamente de $-0,89$ y $-0,70$. Con ello se tienen indicios de su efecto, pero se deben hacer estudios más específicos que determinen si la disminución en los valores genéticos se relaciona con un aumento en la consanguinidad, por lo que será necesario llevar a cabo procedimientos específicos como análisis de covarianza incluyendo la consanguinidad como covariable y determinar el tipo de efecto que tiene. Para las razas Romney Marsh y Corriedale se encontraron correlaciones muy bajas con valores de $-0,05$ y $-0,16$ para PN y $0,08$ y $-0,08$ para PDC120d, respectivamente.

CONCLUSIONES

En términos generales, para cada una de las razas se han estimado parámetros genéticos que presentan un comportamiento uniforme y similar a lo reportado por otros estudios en cuanto a caracteres de crecimiento. Los parámetros heredabilidad y repetibilidad tienden a ser medios a altos y pueden ser útiles al iniciar un programa de selección; en cambio, el comportamiento para caracteres relacionados con producción de lana fue variable y con valores bajos de los parámetros genéticos.

A pesar de encontrar valores fenotípicos para peso al nacimiento y peso al destete menores a los reportados por la literatura, éstos tienen una tendencia creciente, lo cual puede deberse a un mejoramiento paulatino de las condiciones de producción, a una mayor adaptación de las poblaciones al sistema; no obstante, de acuerdo con las tendencias de los valores genéticos esto no parece estar relacionado con un proceso de mejoramiento genético. Es importante tener en cuenta que en estas poblaciones de conservación no se han practicado procedimientos de selección genética, por lo tanto, no se espera encontrar progresos genéticos marcados.

Los valores promedio de consanguinidad calculados para la raza Hampshire muestran los mayores valores, pero no se puede afirmar que el manejo genético que se ha dado a esta población ha llevado a afectar su comportamiento productivo, pero si deben tomarse medidas para evitar que el incremento de la homocigosis en el futuro que pueda ocasionar una depresión de su comportamiento productivo.

AGRADECIMIENTOS

Los autores expresan su agradecimiento a la Subdirección de Investigación de la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (CORPOICA) y a la Dirección del Centro de Investigación San Jorge por su colaboración para el desarrollo de este trabajo.

BIBLIOGRAFÍA CITADA

- Bourdon, R.M. 2000. Understanding animal breeding. 2th ed. Prentice Hall New Jersey (USA). 164 p.
- Dzakuma, J.M., M.K. Nielsen y T.H. Doane. 1978. Genetic and phenotypic parameter estimates for growth and wool traits in Hampshire sheep. *J. Anim. Sci.* 47(5): 1014-1021.
- Enkambrack, S.K. y A.D. Knighth. 1993. Effects of inbreeding on reproduction and wool production of Rambouillet Targhee and Columbia ewes. *J. Anim. Sci.* 69: 4734-4744.
- Fossceco, S. y D. Notter. 1995. Heritabilities and genetics correlations of body weight, testis growth and ewe lamb reproductive traits in crossbred sheep. *Anim. Sci.* 60: 185-195.
- Gabiña, D. 1989. Improvement of the reproductive performance of Aragoneza flocks in frequent lambing system: II. Repeatability and heritability of sexual precocity, fertility and litter size: selection strategies. *Livest. Prod. Sci.* 22: 87-98.
- Hanford, K.J., L.D. Van Vleck y G.D. Snowder. 2003. Estimates of genetic parameters and genetic change for reproduction, weight, and wool characteristics of Targhee sheep. *J. Anim. Sci.* 81(3): 630-640.
- Magnabosco, C.U., R.B. Lobo, A. Reyes, E. Martins y T. Famula. 1998. Bayesian inference on growth traits for Nelore cattle in Brazil. *Procc. World Congress on Genetics Applied to Livestock Production* 25: 556-559.
- Magnabosco, C.U., R.B. Lobo R.B y T.R. Famula. 1999. Bayesian inference for genetic parameter estimation on growth traits for nelore cattle in Brazil using the Gibbs sampler. *J. Anim. Breed and Genet.* 117: 169-188.
- Mandal, A., K.P. Pant, D.K. Nandy, P.K. Rout y R. Roy. 2003. Genetic analysis of growth traits in Muzaffarnagari sheep. *Trop. Anim. Health Prod.* 35(3): 271-284.
- Misztal, L. y D. Gianola. 1988. Indirect solution of mixed model equations. *J. Dairy Sci.* 71, suppl. 2: 99-106.
- Neumaier A. y E. Groneveld. 1998. Restricted maximum likelihood estimation of covariances in sparse linear models. *Gen. Sel. and Evol.* 30: 3-26.
- Tosh J.J. y R.A. Kemp. 1994 Estimation of variance components for lamb weight in three sheep populations. *J. Anim. Sci.* 72: 1184-1190.
- Van Tassel C.P. y L.D. Van Bleck. 1996. Multiple trait Gibbs sampler for animal models: flexible programs for bayesian and likelihood-based (co)variance component inference. *J. Anim. Sci.* 74: 2586-2597.
- Van Vleck L.D. y K.G. Boldman. 1993. Sequential transformation for multiple traits for estimation of (co)variances components with a derivative free algorithm restricted maximum likelihood. *J. Anim. Sci.* 71: 836-844.
- Warwick E.J. J.E. y Legates. 1988. Cría y mejora del ganado. Tercera ed., Interamericana McGraw-Hill, México D.F., pp. 508-555.