

Componentes de varianza, tendencias genéticas y consanguinidad en ovinos manchegos manejados en familias.

Herrera, V.G.¹; Álvarez Ocampo, S.V.¹; González, M.F.¹; Quinteros Dupraz, M.J.¹; Ojeda Fermoselle, P.M.¹; Maizon, D.O.^{2,3}

¹INTA, EEA Catamarca, Catamarca; ²INTA, EEA Anguil, La Pampa; ³Fac. Agronomía, UNLPam, La Pampa; Argentina.

*E-mail: herrera.victor@inta.gob.ar

Variance components, genetic trends and consanguinity in Manchego sheep managed in families.

Introducción

Los ovinos manchegos, cuyo núcleo de evaluación y difusión de la raza en el país se encuentra en la EEA Catamarca del INTA, se ha convertido en una raza de interés para la producción de carne en la región del NOA. Ejemplares de la raza fueron introducidos al país en los años 1989 y 1990 en el marco de un convenio entre el ministerio de agricultura y ganadería de España y el INTA. Los mismos se manejaron desde su introducción hasta el año 2006 en un sistema de reproducción libre, sin control de genealogía. En el año 2007, con el objetivo de controlar los valores de endogamia, se seleccionaron las mejores hembras y se distribuyeron en seis familias, las que estuvieron sometidas a un esquema de reproducción circular. En este, los machos seleccionados, por peso al destete, pasaron a la siguiente familia (según numeración) y las hembras se repusieron dentro de familia.

El objetivo del presente trabajo fue realizar estimaciones de componentes de varianza para peso al nacer y al destete, y evaluar las tendencias genéticas y de consanguinidad.

Materiales y Métodos

El estudio se realizó en el módulo ovino del campo Anexo Santa Cruz del INTA EEA Catamarca, ubicado en el dpto. Valle Viejo, Catamarca, Argentina, entre las coordenadas 28º 29' Sur; 65º 40' Oeste, sobre los 550 msnm. Se utilizó la información de los nacimientos de corderos manchegos, y sus genealogías, ocurridas entre 2007 y 2021 (unos 1200 partos), con excepción de los años 2019 y 2020 en donde no hubo nacimientos de corderos manchegos puros. La información considerada fue fecha y peso de nacimiento, sexo, tipo de parto, peso y edad al destete, familia y genealogía. Las variables consideradas fueron peso al nacer (PN, 1270 registros) y peso al destete (PD, 1134 registros) que se realizó a los 60 días promedio. Las estimaciones se realizaron con un modelo animal bivariado que incluyó como efectos fijos el tipo de parto (simple o multiple), la familia (seis familias más la población base), sexo para ambos caracteres, como covariable fija la edad al destete para PD, y como efecto aleatorio el componente genético individual que se modeló proporcional a la matriz de relaciones (1498 individuos) y el error. Las estimaciones se realizaron empleando el programa WOMBAT (Meyer, K, 2006).

Resultados y Discusión

Las estimaciones de componentes de varianza y heredabilidad para PN y PD se observan en Tabla 1.

Tabla 1. Estimaciones de varianza aditiva (VA), residual (VE) y fenotípica (VP); heredabilidad (h²) y su error estándar (EE) para Peso al Nacer (PN) y Peso al Destete (PD)

	VA	VE	VP	h ²	EE
PN	0.13	0.30	0.43	0.30	0.05
PD	2.29	7.90	10.2	0.22	0.05

La estimación de la correlación genética fue igual a 0.5 (EE 0.13); en tanto que la correlación fenotípica fue 0.32 (EE 0.04). Las tendencias genéticas, para la población en general, estimada como regresión de los valores de cría estimados en los años de nacimiento, resultaron -0.009 kg/año y -0.021 kg/año para PN y PD, respectivamente. Estos son valores muy cercanos a cero a pesar de la selección masal fenotípica. Una situación similar se observó para cada familia por separado.

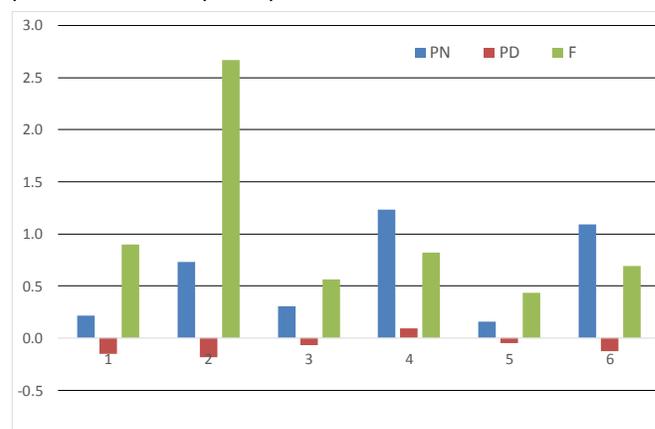


Gráfico 1. Valores promedio de PN, PD y consanguinidad (F) como porcentaje para las familias 1 a 6, nacimientos del año 2021.

En el gráfico 1 se observa que en general las familias tuvieron promedios similares y bajos para valores de cría estimados de PD. En cambio, algunas familias tienen PN promedio por encima de un kilogramo. A su vez, si bien la consanguinidad se mantuvo baja, habría que controlar más para evitar el aumento observado en familia 2.

En función de los resultados, se mantendrá el manejo en familias con rotación circular de padres para controlar la consanguinidad. Se incorporará un índice de selección que restringir el aumento de PN y aumentar el PD.

Agradecimientos / Financiamiento

INTA PE I145; PT I513

Bibliografía

MEYER, K., 2006. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod. No. 27–14.