

RIA, 32 (3): 161-172  
Diciembre 2003  
INTA, Argentina

ISSN 0325 - 8718

## **PARÁMETROS GENÉTICOS EN DOS PLANTELES MERINO DE LA PATAGONIA**

MUELLER, J.P.<sup>1</sup>, BIDINOST, F.<sup>1</sup> y TADDEO, H.R.<sup>1</sup>

### **RESUMEN**

Se estimaron parámetros genéticos y fenotípicos de peso corporal, peso de vellón sucio, rinde al lavado, peso de vellón limpio, promedio de diámetros de fibra y su coeficiente de variación (CVF) a la primer esquila en dos planteles Merino de la Patagonia. El plantel Pilcaniyeu, utilizado para la evaluación de padres de diferentes cabañas a través de pruebas de progenie y el plantel Leleque, tradicional cabaña de la raza con alta proporción de padres de producción propia. Todas las heredabilidades, salvo CVF, resultaron mayores en Pilcaniyeu y todas las correlaciones genéticas con diámetro de fibra, salvo CVF, resultaron menores que en Leleque. Los parámetros estimados para Leleque coinciden mejor con la literatura y se sugiere su uso en evaluaciones de planteles tradicionales sin parámetros propios. Los resultados también implican mayor progreso genético esperado en Pilcaniyeu y la necesidad de considerar heterogeneidad de varianzas en eventuales evaluaciones genéticas

---

<sup>1</sup> Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, EEA Bariloche, CC. 277. 8400 Bariloche, Argentina, correo electrónico: [jmueller@bariloche.inta.gov.ar](mailto:jmueller@bariloche.inta.gov.ar)

poblacionales en las que un plantel / establecimiento, en nuestro caso Pilcaniyeu, opera como vinculante genético entre planteles.

**Palabras clave:** *ovinos, Merino, lana, parámetros genéticos*

## SUMMARY

Genetic and phenotypic parameters of body weight, greasy fleece weight, clean yield, clean fleece weight, fiber diameter and coefficient of variation of fiber diameter (CVF) at first shearing were estimated in two Patagonian Merino flocks. The nucleus flock of Pilcaniyeu, used for progeny testing of rams from different bloodlines and the ram breeding flock of Leleque, a traditional Merino stud with a high proportion of home bred sires. All heritabilities, except for CVF, were larger and all genetic correlations with fiber diameter, except for CVF, were smaller in Pilcaniyeu than in Leleque. Parameters for Leleque were in better agreement with published estimates and are suggested for application in traditional ram breeding flocks lacking own data. Results also imply larger expected genetic progress in Pilcaniyeu and the necessity to consider heterogeneity of variance in combined genetic evaluations where Pilcaniyeu operates as a genetic linkage between studs.

**Keywords:** *sheep, Merino, wool, genetic parameters*

## INTRODUCCIÓN

La evaluación genética de ovinos de raza Merino en la Argentina se basa en el programa Provino impulsado por el INTA y la Asociación Argentina Criadores de Merino, utilizando procedimientos avanzados o básicos según se disponga o no de datos genealógicos (Mueller, 2001). Típicamente Provino avanzado se utiliza en cabañas y centrales de prueba de progenie y Provino básico en núcleos y planteles puros por cruza. Las características evaluadas son el peso corporal, el peso de vellón y los resultados

del análisis de una muestra de lana obtenidos a la primera esquila de los carneros candidatos a selección. Las predicciones de mérito genético para estas características, incluyendo índices de selección, con Provino básico se realizan dentro de grupos contemporáneos (BLP) y las predicciones con Provino avanzado se realizan usando modelos mixtos (BLUP en modelo animal) según procedimientos descritos por Henderson (1984). La metodología exige en ambos casos parámetros genéticos y fenotípicos apropiados a la población evaluada. Los parámetros fenotípicos se obtienen del propio lote en evaluación, pero la estimación de los parámetros genéticos con precisión razonable exige volumen y estructura de datos no siempre disponibles. Por ello Provino utiliza parámetros genéticos consensuados de la literatura, que se suponen robustos en poblaciones de animales de origen común, tamaño efectivo grande y con intercambio genético, como es el caso de los planteles Merino de la Patagonia. Sin embargo en las centrales de prueba de progenie, donde se evalúan sistemáticamente padres de diferentes cabañas sobre la base del desempeño de su descendencia, es posible que la variabilidad genética sea mayor e incluso las covarianzas genéticas sean distintas a las estimadas en planteles tradicionales. Si este es el caso, entonces parámetros genéticos consensuados de la literatura no representan adecuadamente ambas situaciones y exigen una revisión de los procedimientos a aplicar en evaluaciones poblacionales combinadas donde las centrales de prueba facilitan la conexión entre planteles.

Con la finalidad de examinar la hipótesis de que la constitución genética de un plantel utilizado como central de prueba de progenie es diferente a la de un plantel tradicional, se estiman y comparan los respectivos parámetros genéticos.

## **MATERIALES Y MÉTODOS**

### **Planteles**

Se utilizaron datos de dos planteles de la raza Merino: (1) Pilcaniyeu correspondiente al Campo Experimental Pilcaniyeu del

INTA Bariloche y (2) Leleque de la cabaña del mismo nombre perteneciente a la Compañía de Tierras Sud Argentino. Pilcaniyeu está ubicado en el oeste de la Provincia de Río Negro y se considera representativo de las sierras y mesetas patagónicas, y Leleque está ubicado en el noroeste de la provincia de Chubut y se considera representativo de la precordillera patagónica. Ambos campos tienen una altitud variable cercana a los 1000 m sin período libre de heladas y una precipitación anual de 200 a 300 mm concentrada en el otoño invierno, pero la mayor latitud de Leleque lo hace algo más frío que Pilcaniyeu. Ambos campos son típicos para la cría de ovinos laneros de raza Merino.

El plantel de Pilcaniyeu se basa en una majada seleccionada y luego utilizada para realizar pruebas de prole de padres de cabaña, y el plantel de Leleque es un tradicional proveedor de carneros Merino.

### **Animales y datos**

Para ambos planteles se disponen animales con registros genealógicos completos, fecha y tipo de nacimiento (simple o mellizo), sexo (hembra o macho) y, en Leleque, el nivel de manejo (normal o especial) ya que en este plantel una proporción (208/1662) de los machos son preparados para exposición, recibiendo manejo nutricional especial.

En Pilcaniyeu los 66 padres de los animales con registros tienen origen en 9 cabañas argentinas y 21 cabañas extranjeras, incluyendo padres superfinos, mochos, etc (Mueller, 2003), mientras que Leleque, de los 63 padres con descendencia, 46 son de producción propia y sólo 17 introducidos de otras cabañas. La distribución de registros y animales en el pedigrí, periodo de datos, sexo, tipo de nacimiento y manejo se presenta en la Tabla 1. Ninguno de los 3029 animales en el pedigrí de Pilcaniyeu resultó tener algún nivel de consanguinidad, y de los 4628 animales en el pedigrí de Leleque, 134 resultaron con algún nivel de consanguinidad (media 7% y máxima 25%).

**Tabla 1.** Distribución de datos y efectos por plantel

Plantel	Años	Sexos	Tipo de nacimiento	Manejo	Registros	Animales
Pilcaniyeu	1993-2001	M-H	1-2	N	1911	3029
Leleque	1989-2001	M-H	1-2	E-N	4000	4628

M: machos; H: hembras; N: normal; E: especial. 1: Simple; 2: Doble

En ambos planteles los animales analizados nacieron en octubre y fueron esquilados por primera vez en diciembre del año siguiente, es decir con aproximadamente 14 meses de edad. A la esquila se pesaron los vellones (sin barriga ni pedazos) y se extrajeron muestras de lana de 100 g de la zona del costillar previamente tizado para su correcta identificación. Las muestras fueron analizadas en el Laboratorio de Fibras Textiles de INTA Bariloche siguiendo las normas y procedimientos habituales (AS/NZS, 1996) para determinar el rinde al lavado, promedio de diámetros de fibra y su coeficiente de variación. Para obtener el promedio de diámetro de fibras y su coeficiente de variación se utilizó el equipamiento Sirolan Laserscan. El peso corporal fue tomado posterior a la esquila. Las características analizadas y la abreviatura empleada en este trabajo se presentan en Tabla 2.

**Tabla 2.** Terminología para las características analizadas

Sigla	Unidad	Característica
PCE	kg	Peso corporal a la esquila
PVS	kg	Peso de vellón sucio
RIN	%	Rinde al lavado
PVL	kg	Peso de vellón limpio (PVS x RIN)
PDF	mic	Promedio diámetro de fibras
CVF	%	Coficiente de variación de PDF

### Análisis de los datos

El modelo base para describir un dato incluye el año y tipo de nacimiento, el sexo y el manejo nutricional (en el caso de Leleque) como efectos fijos tal que otros factores de variación se consideran parte del error que se asume con promedio cero y distribución normal. Utilizando procedimientos GLM del paquete estadístico SAS (1999) se realizaron análisis de varianza para detectar efectos significativos de estos factores y sus interacciones relevantes.

Fueron estimadas correlaciones fenotípicas a través de procedimientos CORR del mismo paquete estadístico, usando los residuales de los modelos de ajuste aceptados para la estimación de otros parámetros.

Los parámetros genéticos se obtuvieron de un modelo animal usando el programa VCE4 (Groeneveld, 1994) que estima componentes de varianzas REML con errores estándar aproximados. El modelo multi carácter utilizado para la estimación puede ser representado de la siguiente manera:

$$\underline{y} = X\underline{b} + Z\underline{u} + \underline{e}$$

con:

$$E[\underline{y}] = X\underline{b}; \quad E[\underline{u}] = E[\underline{e}] = \underline{0}$$

$$Var[\underline{u}] = G = A \otimes G_0; \quad Var[\underline{e}] = R = I \otimes R_0$$

donde  $\underline{y}$  es el vector de  $N \times t$  observaciones ( $N$  número de animales con registros y  $t$  número de caracteres),  $\underline{b}$  es el vector de efectos fijos que resultaron significativos en los análisis de varianza previos,  $\underline{u}$  es el vector de efectos genéticos aditivos directos,  $\underline{e}$  es el vector de residuales,  $G_0$  es una matriz de covariancias de los efectos genéticos aditivos entre caracteres,  $R_0$  es una matriz de covariancias residuales entre caracteres,  $I$  representa la matriz identidad,  $A$  representa la matriz de parentesco,  $\otimes$  el producto Kronecker, y  $X$  y  $Z$  son las matrices de incidencia relacionando los registros a los

efectos del modelo. No fue posible obtener convergencia en intentos de análisis del conjunto de caracteres en cada plantel por lo que se realizaron estimaciones parciales. Las soluciones parciales resultaron iguales o muy similares, eligiéndose aquellas soluciones de menor error estándar.

### Resultados y Discusión

Se probaron distintos modelos para ajustar los datos hasta elegir la interacción año x sexo para datos de Pilcaniyeu y año x sexo x manejo para datos de Leleque, además se incluyó el efecto del tipo de nacimiento en algunos casos (Tabla 3). En ambos planteles los ajustes de los respectivos modelos utilizados fueron regulares a buenos para PCE, PVS, PVL y PDF y bajos para CVF. El peso corporal y los pesos de vellón son considerablemente mayores en Leleque así como el diámetro medio de fibras (Tabla 3).

Los parámetros fenotípicos y genéticos estimados para Pilcaniyeu y Leleque se presentan en la Tabla 4. Los errores estándar de los parámetros genéticos resultaron aceptables, siendo algo

**Tabla 3.** Número de datos por característica y plantel, promedios no ajustados, factores en el modelo de ajuste y nivel de ajuste logrado.

Plantel		PCE	PVS	RIN	PVL	PDF	CVF
Pilcaniyeu	N	1895	1906	1903	1900	1904	1272
	Promedio	35.9 kg	3.28 kg	63.3%	2.04 kg	16.4 mic	21.8%
	Desvío estándar	5.3 kg	0.63 kg	6.1%	0.40 kg	1.3 mic	2.7%
	Factores en modelo	AxS T	AxS T	AxS	AxS T	AxS	AxS
	Ajuste (R <sup>2</sup> )	53%	48%	41%	40%	28%	14%
Leleque	N	3926	3984	3995	3980	3995	916
	Promedio	48.9 kg	5.57 kg	67.0%	3.73 kg	18.7 mic	20.4%
	Desvío estándar	8.4 kg	1.23 kg	5.1%	0.87 kg	1.7 mic	2.6%
	Factores en modelo	AxSxM T	AxSxM T	AxSxM	AxSxM T	AxSxM T	AxSxM
	Ajuste (R <sup>2</sup> )	68%	66%	24%	46%	61%	10%

A: año, S: sexo, M: manejo nutricional, T: tipo de nacimiento.

**Tabla 4.** Correlaciones fenotípicas sobre la diagonal, heredabilidades en la diagonal (en negrita) y correlaciones genéticas debajo de la diagonal. El primer valor de cada celda corresponde a Pilcaniyeu, el segundo a Leleque y el tercero corresponde a valores típicos de la literatura (Atkins, 1997; Fogarty, 1995 y Brown *et al.*, 2002).

	PCE	PVS	RIN	PVL	PDF	CVF
PCE	<b>0.56±0.04</b> <b>0.28±0.03</b> <b>0.40</b>	0.33* 0.35* 0.30	0.07* 0.06*	0.33* 0.34* 0.30	0.07* 0.14* 0.13	-0.11* -0.04 -0.13
PVS	0.17±0.09 0.18±0.08 0.20	<b>0.32±0.04</b> <b>0.26±0.02</b> <b>0.40</b>	-0.05 0.00 -0.05	0.87* 0.88* 0.85	0.10* 0.25* 0.25	0.05 0.01 0.00
RIN	-0.15±0.07 0.07±0.07	-0.43±0.07 -0.09±0.06 -0.15	<b>0.55±0.03</b> <b>0.42±0.02</b> <b>0.50</b>	0.44* 0.46* 0.40	0.04 0.05* 0.00	-0.21* -0.33* -0.05
PVL	0.04±0.10 0.21±0.07 0.20	0.73±0.04 0.81±0.02 0.80	0.32±0.07 0.50±0.05 0.30	<b>0.23±0.03</b> <b>0.26±0.02</b> <b>0.38</b>	0.10* 0.24* 0.25	-0.06* -0.13* 0.00
PDF	0.00±0.05 0.17±0.05 0.10	0.03±0.04 0.34±0.02 0.20	-0.01±0.06 0.02±0.05 0.00	0.04±0.03 0.30±0.05 0.20	<b>0.68±0.04</b> <b>0.41±0.02</b> <b>0.50</b>	0.00 0.00 -0.10
CVF	-0.13±0.04 -0.17±0.11 -0.21	0.10±0.10 -0.02±0.10 0.10	-0.28±0.09 -0.42±0.08 -0.05	-0.14±0.11 -0.27±0.07 0.10	-0.03±0.05 0.21±0.09 -0.10	<b>0.36±0.04</b> <b>0.51±0.03</b> <b>0.40</b>

Parámetros genéticos ± error estándar. \*Significativamente diferente de cero ( $P > 0.05$ ).

mayores en Pilcaniyeu que en Leleque, para las correlaciones genéticas que para las heredabilidades.

Aunque las estimaciones en ambos planteles se ubican en el rango de valores habituales de la literatura, en Pilcaniyeu se observan mayores heredabilidades (salvo para CVF) y menores correlaciones genéticas con PDF (salvo para CVF) que las obtenidas en Leleque. Se destacan los altos niveles de heredabilidad de PCE, RIN y PDF y la correlación genética cercana a cero de PDF con las demás características en Pilcaniyeu. En cambio en Leleque se observan valores más consistentes con la literatura, en particular correlaciones genéticas medias positivas de PDF con PCE, PVS y PVL.

En ambos planteles la heredabilidad de los pesos de vellón es algo menor a la consignada en la literatura (Atkins, 1997) y en Pilcaniyeu la heredabilidad de PCE y PDF es mayor. Si bien el número de datos de CVF todavía es escaso para la correcta estimación

de parámetros, la heredabilidad de CVF en ambos planteles (0.36 y 0.51) resultó comparable a 0.40 reportado en la revisión de Atkins (1997), 0.50 de Ramsay y Ponzoni (2002) y 0.37 de Brown *et al.* (2002). Si además se confirma la alta correlación genética de CVF con resistencia a la tracción, entonces CVF podría ser un interesante criterio de selección indirecta para resistencia a la tracción, considerando que CVF se obtiene de análisis de finura rutinarios y resistencia a la tracción requiere análisis de lana específicos. La correlación genética de CVF con PVL y con PDF obtenida en ambos planteles no coincide con los valores de Atkins (1997). Por ejemplo, la correlación genética de CVF con PVL resultó -0.14 y -0.27 en Pilcaniyeu y Leleque, respectivamente, mientras Atkins (1997) indica 0.10. Sin embargo, Swan, Lax y Purvis (1995) estiman -0.18 más acorde con nuestros valores. Estos mismos autores y Brown *et al.* (2002) también obtienen correlaciones genéticas levemente positivas para CVF y PDF. Es probable que para esta característica relativamente nueva en los análisis de lana falten estimaciones para llegar a un consenso.

Las correlaciones fenotípicas resultaron consistentes con la literatura y muy similares entre planteles.

### **Implicancias**

Este trabajo permite confirmar la existencia de variabilidad genética en los caracteres de importancia en la cría de lanares y también señala la existencia de diferencias entre parámetros obtenidos en diferentes planteles. En particular se confirma que el plantel sujeto a una continua introducción de carneros de diferente origen (Pilcaniyeu) presenta mayor variabilidad genética y tiene correlaciones genéticas con PDF menos desfavorables que el plantel tradicional (Leleque). Esto implica que el progreso genético esperado por selección dentro de plantel es mayor en el primero. Por ejemplo, un índice que incluye PCE, PVL y PDF, como ofrece Proviño, tendría exactitud de 0.66 en Pilcaniyeu pero bajaría a 0.48 en Leleque y desplazaría el énfasis del mejoramiento de PDF hacia PVL para un mismo objetivo de cría agregado y basado en la maximización de retorno económico.

Piper y Swan (1994) habían sugerido que los parámetros genéticos en poblaciones de Merino superfino como es el caso del plantel de Pilcaniyeu son diferentes a los parámetros en poblaciones Merino medio. En particular mencionan la existencia de altas correlaciones genéticas positivas entre PDF y PVL en poblaciones superfinos lo cual, si fuese cierto, implicaría mayores dificultades para mejorar ambas características en planteles superfinos. Nuestros datos reflejan más bien lo contrario. Por otro lado, si la mayor variabilidad aditiva para PDF también expresa mayor variabilidad fenotípica, entonces habría una pérdida de homogeneidad entre vellones y en consecuencia una pérdida de calidad del lote de lana superfina. Análisis complementarios a los reportados aquí muestran que el coeficiente de variación de PDF (entre vellones de un mismo año y sexo) resultó algo mayor en Pilcaniyeu que en Leleque (7.5% vs. 6.7%).

La otra implicancia importante es que en evaluaciones combinadas, como las que se proponen para agrandar la base de selección de la raza Merino (Taddeo y Mueller, 2000), es necesario considerar la heterogeneidad de varianzas observada, mientras que para evaluaciones Provino avanzado en planteles tradicionales es preferible usar parámetros de la literatura o los obtenidos en Leleque.

Parámetros genéticos para nuevas características de interés en calidad de lana como largo de mecha y resistencia a la tracción y sus correlaciones con las características aquí presentadas son necesarios en vistas de su progresiva adopción en programas de mejora. También interesa estudiar el comportamiento de estas características en vellones adultos y la eventual influencia de efectos maternos.

## AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a la Compañía de Tierras Sud Argentino SA por permitir el uso de datos de su cabaña Leleque. El trabajo fue finan-

ciado por la Secretaría de Ciencia, Tecnología e Innovación Productiva (PICT 1999 Nro. 08-05017) y el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (PAN Nro. 52-0002).

## BIBLIOGRAFÍA

**AS/NZS.** 1996. Australian / New Zealand Standards. Wool – Fleece testing and measurement, TX/12/96.

**ATKINS, K.D.** 1997. Genetic improvement of wool production. En PIPER, L.; RUVINSKY, A. (Eds.) The genetics of sheep. CAB International, p. 471-504.

**BROWN, D.J.; BALL, A.; MORTIMER, R.; OPPENHEIMER, M.** 2002. Incorporating subjectively assessed sheep and wool traits into genetic evaluation for Merino sheep. 2: Phenotypic and genetic correlations. Wool Technology and Sheep Breeding (50): 378-382.

**FOGARTY, N.M.** 1995. Genetic parameters for live weight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep: A review. Animal Breeding Abstracts (63), 101-143.

**GROENEVELD, E.** 1994. A reparameterization to improve numerical optimization in multivariate REML (co)variance component estimation. Genetics, Selection and Evolution (26), 537-545.

**HENDERSON, C.R.** 1984. Application of linear models in animal breeding. University of Guelph, Canada, 462 p.

**MUELLER, J.P.** 2001. Mejoramiento genético de las majadas patagónicas. En BORRELLI, P.; OLIVA, G. (Eds.) Capítulo 10. Ganadería Ovina Sustentable en la Patagonia Austral - Tecnología de Manejo Extensivo. INTA Regional Patagonia Sur, p. 211-224.

**MUELLER, J.P.** 2003. Evaluación genética de carneros Merino. Informe 9. INTA-AACM. Comunicación Técnica INTA Bariloche Nro PA 423, 23 p.

**PIPER, L.R.; SWAN, A.A.** 1994. Production of fine and superfine wool. Proceedings IV World Merino Conference, Montevideo, Uruguay, p. 61-75.

**RAMSAY, A.M.M.; PONZONI, R.W.** 2002. Phenotypic and genetic parameters for some 'novel' traits in South Australian Merinos. South Australian Merino Selection Demonstration Flocks Newsletter (6), 73-76.

**SAS.** 1999. The SAS Institute Inc, Release 8.00.

**SWAN, A.A.; LAX, J.; PURVIS, I.W.** 1995. Genetic variation in objectively measured wool traits in CSIRO's Fine Wool Flock. Proceedings Australian Association of Animal Breeding and Genetics (11), 516-520.

**TADDEO, H.R.; MUELLER, J.P.** 2000. Esquemas de mejoramiento y metodología de evaluación genética. En MUELLER, J.P.; TADDEO, H.R.; UZAL, F.A. (Eds.) Actualización en Producción Ovina. INTA Bariloche, p. 29-46.