



UNIVERSIDAD DE LA REPUBLICA

FACULTAD DE AGRONOMIA

**ANALISIS GENETICO DE UNA MAJADA DE RAZA IDEAL
APLICANDO EL MODELO ANIMAL**

FACULTAD DE AGRONOMIA

por

**PROFESOR DE
ECONOMIA Y
BIOLOGIA**

Mercedes DARTAYETE BERCIANOS

Cecilia GIANONI BEAULIEU

**TESIS presentada como uno de
los requisitos para obtener el
título de Ingeniero Agrónomo
(Orientación Agrícola - Ganadera)**

**MONTEVIDEO
URUGUAY
1998**

Tesis aprobada por:

Director: Jorge Urioste

Nombre completo y firma

Gonzalo González

Nombre completo y firma

Roberto Cardellino

Nombre completo y firma

Fecha:

Autores: Mercedes Dartayete

Nombre completo y firma

Cecilia Gianoni

Nombre completo y firma

AGRADECIMIENTOS

Al Ing. Agr. Jorge Urioste, director de esta tesis, por las sugerencias y correcciones realizadas a este trabajo.

Al Ing. Daniel Labuonora, cuya contribución en el procesamiento de los datos hizo posible este trabajo. Por su tiempo y dedicación ... Muchas Gracias

A nuestros compañeros de la Cátedra de Zootecnia, por los invalorable aportes recibidos. Su colaboración, apoyo permanente y estímulo durante todo el desarrollo de este trabajo fueron un pilar fundamental para la culminación del mismo.

Muchas Gracias ... Gonzalo, Edgardo, Jorge, Diego G., Diego S., Gabriel, Elly, Olga, Santiago y Nacho.

Al Ing. Agr. Juan Burgueño, por sus valiosas sugerencias y aportes, y a todos los compañeros de la Cátedra de Estadística, por su permanente apoyo.

A Milton, por su paciencia, comprensión y estímulo permanente.

A Solita, Vicky, Sandra y Gabriela por su confianza y apoyo.

A Elly y Gabriel, por su presencia y amistad.

Nuestros más sinceros agradecimientos a todas aquellas personas que nos han acompañado en esta tarea, brindando ideas, materiales y apoyo.

Un especial agradecimiento al Sr. Jorge Urioste por haber brindado los datos de su cabaña para la realización de esta tesis.

A todos ellos.... MUCHAS GRACIAS.

TABLA DE CONTENIDO

	Página
PAGINA DE APROBACION.....	II
AGRADECIMIENTOS.....	III
LISTA DE CUADROS E ILUSTRACIONES.....	IV
 1.- INTRODUCCION.....	 1
 2 - REVISION BIBLIOGRAFICA	 4
2.1. - INTRODUCCIÓN.....	4
2.2.- CARACTERÍSTICAS A EVALUAR EN OVINOS.....	5
2.2.1. - <u>Definición de objetivos y criterios de selección</u>	5
2.2.1.1. - <u>Objetivos de selección</u>	6
2.2.1.2. - <u>Criterios de selección</u>	9
2.2.2. - <u>Características tomadas como objetivo y/o criterio de selección</u>	10
2.2.2.1. - <u>Características indeseables</u>	10
2.2.2.2. - <u>Características de importancia discutible</u>	11
2.2.2.3. - <u>Características deseables</u>	11
2.2.3. - <u>Ejemplos prácticos</u>	15
 2.3. - PARÁMETROS GENÉTICOS.....	 16
2.3.1. - <u>Heredabilidad</u>	18
2.3.2. - <u>Repetibilidad</u>	21
2.3.3. - <u>Correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales</u>	23
2.3.4. - <u>Síntesis</u>	25
 2.4.- ELECCIÓN DE UN MODELO PLAUSIBLE	 26
2.4.1. - <u>Componente Ambiental del Modelo Básico</u>	27
2.4.1.1. - <u>Efectos Ambientales Sistemáticos</u>	28
2.4.2. - <u>Componente Genético del Modelo Básico</u>	33
2.4.2.1. - <u>Modelos Operacionales</u>	34
2.4.2.2. - <u>Modelo Padre</u>	35
2.4.2.3. - <u>Modelo Animal</u>	36
 2.5.- ELECCION DE UN METODO DE PREDICCION DEL VALOR DE CRIA.....	 37
2.5.1. - <u>BLP (Mejor Predictor Lineal)</u>	38
2.5.2. - <u>BLUP (Mejor Predictor Lineal Insesgado)</u>	41
 2.6.- ESQUEMAS DE SELECCION	 43
2.6.1. - <u>Centrales de Prueba</u>	43
2.6.2. - <u>Carneros de Referencia</u>	44
2.6.3. - <u>Flock Testing</u>	45
 2.7- ESTIMACION DEL PROGRESO GENETICO.....	 46
2.7.1- <u>Métodos de estimación del Progreso Genético</u>	47

2.7.1.1.- Experimentos planeados.....	48
2.7.1.2 - Datos de Campo.....	50
2.7.2. - <u>Diferencia entre la respuesta esperada y lograda</u>	54
2.7.3 - <u>Estimaciones de Tendencias Genéticas en el Uruguay</u>	55
2.7.3.1- Tendencias Genéticas de una cabaña de raza Ideal.....	56
2.7.3.2 - Tendencias Genéticas de dos cabañas Corriedale.....	56
3.- MATERIALES Y METODOS.....	58
3.1. - ESTRUCTURA DE LOS DATOS.....	58
3.2 - METODOLOGÍA APLICADA.....	62
3.2.1- <u>Evaluación Genética</u>	63
3.2.1.1- Modelo utilizado para el análisis de los factores ambientales.....	63
3.2.1.2- Predicción del Valor de Cría de los animales.....	64
3.2.2.- <u>Comparación de Índices obtenidos por dos métodos de evaluación</u>	66
3.2.3.- <u>Estimación de Tendencias Genéticas</u>	67
4.- RESULTADOS.....	69
4.1.- EVALUACION GENETICA POR MODELO ANIMAL MULTIVARIADO.....	69
4.2.- CORRELACIONES DE RANGO ENTRE EL IS Y EL IB.....	72
4.3.- ESTIMACION DE TENDENCIAS GENETICAS.....	73
5.- DISCUSION.....	76
5.1.- ESTIMACION DE VALORES DE CRIA.....	76
5.2.- CORRELACIÓN ENTRE EL INDICE BLUP Y EL INDICE S.U.L.....	82
5.3.- ESTIMACION DE TENDENCIAS FENOTIPICAS Y GENETICAS.....	83
6.- CONCLUSIONES.....	88
7.- RESUMEN.....	91
8.- SUMMARY.....	92
9.- BIBLIOGRAFIA.....	93
10.- ANEXOS.....	100

LISTA DE CUADROS E ILUSTRACIONES

Cuadro N°		Página
1.	Características biológicas que afectan los ingresos y los costos de producción.....	12
2.	Problemas principales de algunas características productivas.....	12
3.	Heredabilidad promedio para características productivas	19
4.	Estimaciones de Repetibilidad para algunas características productivas	22
5.	Estimaciones promedio de correlaciones genéticas y fenotípicas para las características PVL, PVS, DF y PC	23
6.	Correlaciones ambientales entre características:	25
7.	Efectos Ambientales Sistemáticos	33
8.	Resultados de respuesta a la selección para diferentes características	55
9.	Número de registros de cada característica por año	61
10.	Descripción de los datos productivos analizados	61
11.	Número de padres utilizados por año	61
12.	Número de registros eliminados según criterio de calidad definido	62
13.	Parámetros Genéticos y Fenotípicos para Peso de Vellón Limpio (PVL), Diámetro de Fibra (DF), N° de conderos destetados (NCD), Peso del destete (PD), Peso vivo adulto (PA), Peso de vellón sucio (PVS) y Peso de borrego (PB)	65
14.	Significancia de los efectos fijos analizados	69
15.	Análisis descriptivo de los valores de cría y precisiones obtenidas	70

Página

16.	Correlaciones promedio por año entre el Índice BLUP y el Índice S.U.L.	72
17.	Estimaciones de tendencias fenotípicas de la cabaña para PVL, DF y PC	73
18.	Estimaciones de Progreso Genético	74

Figura N°

1.	Curva de distribución de los valores de cría para las características analizadas	69
2.	Distribución de los valores de precisión obtenidos en machos y hembras	70
3.	Valores de cría de los 10 padres más usados	71
4.	Tendencias fenotípicas para las características analizadas	73
5.	Tendencias genéticas de las características consideradas y del Índice BLUP estimado	75

1.- INTRODUCCION

La producción ovina en el Uruguay ha sido históricamente una de las actividades agropecuarias de mayor importancia. Esta, se basa fundamentalmente en cuatro pilares: la nutrición, la sanidad, el manejo y el mejoramiento genético. Dentro de lo que sería mejora genética los caminos posibles a seguir son dos: selección y cruzamiento.

Respecto a la selección, Ponzoni (1991) sostiene que diseñar cuidadosamente un programa de selección, será de poco valor si no se tienen en cuenta simultáneamente los tres aspectos restantes, y agrega que la mejora genética y ambiental no deben ser vistas como actividades alternativas sino complementarias. Los programas de mejora genética proporcionan aumentos en la eficiencia de producción de carácter acumulativo y permanente, sin requerir de altos costos, a pesar de que pueden parecer de pequeña magnitud si se comparan con los que pueden lograrse a través de las otras vías (Atkins, 1988, citado por Ponzoni, 1991).

La mejora genética, según Banks (1987), se basa en la *identificación* de genes superiores, o grupos de genes, y su subsecuente *diseminación* dentro de toda la población. Un concepto similar fue vertido por Alenda (1989), quien considera que la selección tiene a su cargo la detección de aquellos animales cuya producción, bajo determinadas circunstancias, sea la más eficiente, y una vez identificados los individuos son ellos y/o sus parientes los utilizados en la reproducción, encargándose de esta manera de formar la siguiente generación productiva. Para que se puedan seleccionar dichos animales y lograr así obtener progreso, Mao (1984) hace referencia a la necesidad de que exista variabilidad genética en la población, y al respecto cita una frase del Dr. Lush: "La variación es la materia prima con la cual trabajan los mejoradores".

Tanto la identificación como la diseminación de los genes están afectados por la estructura poblacional. Tradicionalmente esta estructura ha sido jerárquica, con la mejora genética concentrada en la elite (cabañas) actuando como una fuente de animales superiores que se vuelcan a los estratos inferiores de la pirámide (Banks, 1987). Ponzoni (1991) considera que si existe una estructura adecuada, se logra que las pequeñas ganancias genéticas obtenidas por los núcleos elite se multipliquen, y los programas de mejoramiento genético logren una mucho mayor repercusión en el aumento de la eficiencia de la producción animal.

En nuestro país, el paso de una selección de los animales solamente por apreciación visual, como se realizaba desde las primeras décadas de este siglo, a una selección basada en mediciones objetivas de las características, comienza en el año 1969 con la creación, por parte del Secretariado Uruguayo de la Lana (S.U.L.), de un servicio de registros de performance denominado Flock Testing. Los registros de comportamiento recabados por este servicio, han permitido realizar un ordenamiento

de los animales por su mérito genético en un año y rodeo determinado. La predicción de los valores de cría para las características productivas, a partir de los mencionados registros individuales de comportamiento, se lleva a cabo a través del uso de índices lineales como los presentados por Smith (1936) y Hazel (1943). En estos índices se consideran más de una característica simultáneamente, ponderadas de acuerdo a su valor económico percibido.

En la medida que comenzaron a aplicarse nuevas tecnologías reproductivas, y a utilizarse información proveniente de diferentes rodeos, años y estaciones algunos de los supuestos implícitos en la metodología de los modelos lineales se hicieron insostenibles por lo que se necesitó la creación de nuevos métodos estadísticos de predicción. En este sentido, han sido invalorable los aportes realizados por Henderson, quien en 1973, presentó la metodología BLUP o del Mejor Predictor Lineal Insesgado. Esta metodología de evaluación presenta ventajas comparativas importantes con respecto a la metodología utilizada en el Flock Testing, ya que permite obtener estimaciones del valor genético de los animales en forma más precisa y sin necesidad de mantener estructuras rígidas. Mendiando y Urioste (1992) aplicaron esta metodología por primera vez en el país

Un nuevo enfoque fue el desarrollo de las centrales de prueba de progenie, según las líneas propuestas por Ponzoni (1992). En la actualidad están funcionando en nuestro país, seis Centrales de Prueba para las razas Merilín, Corriedale, Merino e Ideal, las cuales basan sus estimaciones en Pruebas de Progenie, brindando a las cabañas involucradas información sobre los valores de cría de sus reproductores para las características objetivo.

La Facultad de Agronomía, ha venido realizando esfuerzos importantes para la obtención de evaluaciones nacionales, tanto en ganado de carne como de leche, aplicando un modelo animal. En ovinos, no existen antecedentes nacionales donde se utilice este tipo de modelo.

La aplicación de esta metodología de evaluación genética, en condiciones extensivas, no se ha desarrollado lo suficiente (Carabaño y Alenda, 1990). Es necesario desarrollar un sistema de recolección de información de producción y genealogía, a nivel nacional, y de toda la población, que produzca datos objetivos y confiables para su análisis (Carriquiry, 1991). Investigaciones en este campo podrían tener alta incidencia en el desarrollo de nuevos planes de selección para las razas ovinas nacionales.

Dentro de este marco, el objetivo general de presente trabajo es el de realizar un análisis genético en una cabaña de la raza Ideal, utilizando la metodología más moderna a disposición. Los objetivos específicos planteados son:

- 1- Desarrollar un modelo animal multivariado, incluyendo todos aquellos efectos ambientales que, de acuerdo a la información disponible, puedan ser estimados. Las

características a considerar en el modelo son peso de vellón limpio, diámetro de fibra, y peso del cuerpo.

2- Comparar las estimaciones de Índice del S.U.L., con las estimaciones del Modelo Animal obtenidas.

3- Estimar las tendencias genéticas de las tres características consideradas.

2 - REVISION BIBLIOGRAFICA

2.1. - INTRODUCCIÓN

El avance en la mejora genética ovina, y de cualquier especie animal, pasa por el establecimiento de un programa de selección eficiente, donde se realice un control fiable de los caracteres, y la información procesada se devuelva a los centros de decisión, en un período que permita su utilización en los momentos en que se necesita.

Para definir el diseño y la implementación de un programa de mejora genética Ponzoni (1991) sugirió cinco pasos a seguir:

- 1) definición de los objetivos de selección
- 2) elección de los criterios de selección
- 3) organización y optimización de un servicio de registros de performance
- 4) uso de la información generada en la toma de decisiones
- 5) uso de los animales seleccionados mediante planes de apareamientos definidos y posterior diseminación de la superioridad genética.

Gianola (1991) complementa este esquema con un último paso, que si bien no es específico de un programa de mejora genética, permite predecir la ganancia genética que se ha obtenido durante el desarrollo del mismo. Este sería:

- 6) cuantificación del cambio o progreso genético logrado

El tercer paso citado por Ponzoni (1991) constituye lo que se conoce como *Evaluación Genética* de los animales a seleccionar. El objetivo de la misma consiste en predecir el potencial o mérito genético de un individuo, a partir de la combinación, mediante métodos estadísticos, de un conjunto de registros de producción de cada animal y sus parientes, neutralizando todas aquellas diferencias productivas atribuibles a causas no genéticas, con el fin de poder compararlos objetivamente.

Para poder inferir el mérito genético de un animal, de la manera más precisa posible, Gianola (1991) destaca la necesidad de contar con un buen sistema de control de la producción, el cual debiera ser simple, completo y que abarque a todos los animales. A su vez, remarca lo esencial de acceder a la genealogía de los animales como herramienta para la evaluación. Los registros productivos deben ser combinados con los genealógicos de manera tal de utilizar los distintos tipos de parentesco para ponderar la información disponible de forma adecuada.

La evaluación genética en sí misma, lleva implícita el seguimiento de una serie de pasos, que Gianola (1991) define como:

- a) consideración de un modelo plausible para el análisis estadístico
- b) elección de una técnica de predicción o estimación
- c) desarrollo de algoritmos de cálculo

A continuación se describen cada uno de los pasos que constituyen un esquema de selección, dando especial énfasis a aquellos involucrados en la evaluación genética. Se hará referencia a los distintos métodos de evaluación existentes, sus ventajas y desventajas, así como las diferentes maneras de estimar tendencias genéticas.

2.2.- CARACTERÍSTICAS A EVALUAR EN OVINOS

2.2.1. - Definición de objetivos y criterios de selección

La producción de carneros constituye en sí un sistema de producción cuya rentabilidad depende en gran medida del número y precio de los animales vendidos. Esta actividad se desarrolla dentro de un marco en el cual las exposiciones de reproductores tienen importancia y donde ciertas características de dudosa importancia productiva reciben consideración, constituyéndose de esta forma en objetivos en sí mismos. Esto contribuye en cierta medida a que los objetivos del cabañero y del productor general no coincidan. Existen abundantes ejemplos que demuestran que si esta coincidencia no se da, las consecuencias a largo plazo para los intereses de la raza en cuestión y de los cabañeros son negativas (Cardellino y Ponzoni, 1985).

Es por esta causa que los objetivos de selección deben ser claramente definidos de ante mano. Como fue señalado anteriormente el primer paso a seguir para desarrollar un programa de mejoramiento es la definición de los objetivos de selección, para posteriormente determinar los criterios de selección. Es importante distinguir entre éstos debido a que el éxito del programa depende de la definición de los mismos en forma separada, ya que en general, la coincidencia no es del 100%. Una vez que los objetivos han sido definidos es posible elegir racionalmente entre varios grupos de criterios de selección (Cardellino y Ponzoni, 1985; Ponzoni, 1986, 1991; James, 1987; González, 1991).

Generalmente se define como **objetivo de selección** a aquel o aquellos caracteres que deben ser mejorados genéticamente, debido a su importancia económica; y **criterios de selección** al conjunto de información que se utiliza para estimar el valor de cría de los individuos y por lo tanto, para seleccionar los reemplazos (Ponzoni, 1973, 1986; Rae, 1982; Cardellino y Ponzoni, 1985; James, 1986, 1987; Cardellino y Rovira, 1987; Alonso y Alenda, 1989; Garrick y Johnson, 1990; Jurado, 1993; Atkins y Casey, 1994).

2.2.1.1. - Objetivos de selección

Cardellino y Ponzoni (1985) y Cardellino y Rovira (1987) expresan al objetivo de selección en términos matemáticos de la siguiente manera:

$$H = V1. G1 + V2. G2 + \dots + Vn. Gn$$

siendo : H = objetivo de selección o genotipo agregado

Vi = valores económicos de cada característica.

Gi = mérito genético (aditivo) de cada característica.

Para la selección por varias características, el objetivo de selección es generalmente una función lineal de todos los caracteres, ponderados por su valor económico.

James (1986) y Garrick y Johnson (1990) sugieren que la elección de las características objetivo y su peso relativo deben basarse pura y exclusivamente en bases económicas. El hecho de que una característica tenga una muy baja heredabilidad, o sea extremadamente difícil de medir no debe considerarse para determinar si la característica debe formar parte del objetivo o no. Por el contrario, estos aspectos deben pesar al momento de elegir los criterios de selección. James (1986, 1987) concluye entonces, que el objetivo de selección debe ser definido en términos de lo que se desea mejorar y no sobre la base de si es más o menos posible. La mejora obtenida depende de factores genéticos y cuestiones prácticas, lo cual debe ser considerado después que los objetivos estén definidos.

Cardellino y Ponzoni (1985) hacen referencia a la necesidad que existe en nuestro país de realizar una definición más formal de los objetivos y criterios de selección para las razas más numerosas del país, en el marco de los sistemas de producción más comunes de los cuales forman parte.

Según Ponzoni (1986a, 1986b) la definición de los objetivos de selección se compone de **cuatro fases**:

- * descripción del sistema de producción, de comercialización y el papel de la raza.
- * identificación de las fuentes de ingresos y costos del productor de majadas generales
- * determinación de cuáles son las características biológicas que influyen en esos ingresos y esos costos.
- * cálculo del valor económico de cada una de ellas

Con respecto a la *primer fase*, se debe puntualizar la naturaleza especulativa de los objetivos de selección, ya que se basan en predicciones de cuáles serán las condiciones económicas, tecnológicas y ambientales en el momento en que tendrán efecto las decisiones tomadas hoy (Ponzoni, 1986; Garrick y Johnson, 1990).

Las fluctuaciones de los precios del mercado lanero mundial traen aparejado cambios en los sistemas de producción del productor, y las diferentes razas cobran importancia en función de los valores económicos que presenten en los distintos períodos los productos finales ofrecidos por cada una de ellas.

Entrando en lo que sería la *segunda fase* de Ponzoni (definición de las fuentes de ingresos y costos), éste considera que existen básicamente dos alternativas para combinar los costos (C) y los ingresos (I):

i) la ecuación de beneficio $B = I - C$.

Esta ecuación permite una evaluación de los valores económicos en el corto plazo (ej.: 10 años), donde los costos fijos son tenidos en cuenta. Según James (1987) ésta permitiría, a su vez, la comparación entre majadas, pero siendo necesario un manejo adecuado de la información de caca una (raza, líneas, mercado consumidor de su producto, etc.) para no cometer errores en la elección de genotipos.

ii) la relación de eficiencia $Q = C / I$, o su recíproco.

Esta es una mejor forma de combinar ingresos y costos en el largo plazo (ej.: 25 años), donde no existen costos fijos. Esta ecuación fue recomendada por Dickerson (1970, citado por James, 1987) y en la misma el incremento genético se muestra como un cambio negativo en el objetivo. James (1987) muestra un simple ejemplo que permite visualizarlo, en el cual supone que $I=100$ y $C=90$, entonces $B=10$ y $Q=0.90$. Luego supone que un cambio genético lleva estos valores a $I=120$ y $C=109$, obteniendo entonces $B=11$ y $Q=0.91$. Por lo tanto, usando la ecuación de beneficio, el cambio genético produce un incremento, mientras que la relación Q muestra un deterioro genético. Aún usando la ecuación de beneficio los valores relativos al cambio genético en diferentes características dependerá de las bases sobre las que se hizo la evaluación.

Cardellino y Ponzoni (1985) sugieren que en general el énfasis está puesto en mejorar genéticamente aquellas características que incrementen los ingresos, y no tanto en aquellas que disminuyan los costos de producción; lo cual adjudican fundamentalmente al hecho de que no existe información económica y genética suficiente de estas últimas (ejemplo: resistencia a enfermedades).

La información de las características que influyen en los ingresos (*tercer fase* de Ponzoni) proviene de diversas fuentes tales como comparaciones experimentales del efecto de la variación en caracteres de vellón sobre el proceso de manufactura de la lana, estudio de los requerimientos de consumidores en el mercado de carne específicos, información de mercado acerca de la relación entre características particulares del producto y el posible precio a pagar por el industrial o el productor (Rae, 1982). Es, según Ponzoni (1991), la ecuación de beneficio expresada como función de las características biológicas que afectan los ingresos y los costos.

La *cuarta fase*, en donde se determina la importancia económica de cada una de las características identificadas como objetivo se define, como el aumento logrado en los ingresos por cada unidad de aumento en la característica, suponiendo un valor constante para los otros caracteres, y se denomina Valor Económico Relativo (Rae, 1982; Ponzoni, 1986a). Este valor, así definido, puede ser calculado (Ponzoni, 1991) evaluando el beneficio (B) numéricamente como el promedio de todas las características, para luego evaluarlo al incrementar en una unidad la característica en cuestión. De esta manera se obtiene un valor B^* , y la diferencia entre ambos ($B - B^*$) daría el Valor Económico Relativo. Este método permitiría tener en cuenta lo manifestado por James (1987), quién considera que los pesos económicos de cualquier carácter no pueden ser determinados aisladamente, debe hacerse en un contexto donde todas las características a ser consideradas están especificadas.

Con respecto a esto, Smith et al. (1986, citados por González 1991) concluyeron que si todos los costos son variables (incluyendo las ganancias de la empresa), y si se excluye la posibilidad de un redimensionamiento de la empresa (que podría alterar las ganancias económicas por causas no genéticas), entonces las ponderaciones son independientes de quien las considera (productor, inversor o industrial), siempre que el método de cálculo esté basado en las ecuaciones de ganancia.

Cardellino y Ponzoni (1985) y Ponzoni (1986a) consideraron cuatro factores que se deberían tener en cuenta al momento de la estimación de los valores económicos de cada carácter:

- * los precios relativos de los distintos productos: lana, corderos, refugos; y los costos de producción que tienen los mismos. Como ya fue planteado esta elección por lo general es difícil debido a la fluctuación de los mismos.
- * el número de veces que cada característica se expresa durante la vida de un animal en la majada. Estos detalles permiten que en el balance el peso que se le dé a los distintos caracteres se aproxime lo más posible a lo que es correcto para los intereses económicos del productor de majada general.
- * los aumentos en los requerimientos nutritivos originados como consecuencia de aumentos genéticos en el tamaño y en la tasa reproductiva. Esto es equivalente a disminuir el valor económico relativo de dichas características.
- * las distintas composiciones de majadas que caracterizan los sistemas de producción. La importancia de las características no será la misma en majadas con distinta proporción de categorías (ej. en una majada con una proporción relativamente alta de capones, 30-40%, la lana tendrá una importancia relativa mayor que en una que sea exclusivamente de ovejas de cría).

Puede aparecer cierta complejidad en los objetivos debido a que un carácter está dado en general, por la combinación de procesos fisiológicos diferentes. Se debe tener en cuenta que existe una relación negativa entre el número de características a seleccionar y la rapidez de respuesta en cada una de ellas, por lo tanto hay que tratar

de reducir a un mínimo el número de caracteres considerado, eligiendo aquellos de gran interés económico, y de ser posible con una relación positiva entre ellos (Ponzoni, 1973; Alonso y Alenda, 1989).

2.2.1.2.- Criterios de selección

Con respecto a los criterios de selección éstos pueden estar compuestos por uno o varios caracteres y permiten considerar simultáneamente toda la información disponible. Pueden ser medidos en el individuo o en sus parientes, no siendo necesariamente, como ya fue mencionado, igual al objetivo de selección (Cardellino y Ponzoni, 1985; Cardellino y Rovira, 1987). En este sentido, Garrick y Johnson (1990) sugieren que las características objetivo en general se corresponden con los criterios, particularmente en los caracteres de mayor importancia productiva.

La selección indirecta, es decir objetivo distinto de criterio, puede ser usada cuando la característica objetivo es costosa o difícil de medir, se expresa tardíamente en la vida del animal, se expresa en un solo sexo, o tiene baja heredabilidad. No es fácil de instrumentar en la práctica ya que requiere de un conocimiento preciso acerca de las covarianzas (James, 1982 citado por Garrick y Johnson, 1990).

De acuerdo a los criterios de selección empleados se reconocen diversos métodos de selección, cuya exactitud se deberá tratar de maximizar al momento de la evaluación (Ponzoni, 1973; Garrick y Johnson, 1990).

En características de interés que presentan baja heredabilidad, la información de colaterales puede mejorar la precisión en las estimaciones de los valores de cría (Atkins et al., 1986). Pero para combinar información de diferentes fuentes se debe conocer la correlación entre ellas. Estos autores también sugieren que la toma de registros repetidos puede mejorar la precisión del método.

Jurado (1993) sostiene que los caracteres que se tomarán como criterios para seleccionar por una característica objetivo tampoco deben ser numerosos porque se corre el riesgo de progresar muy lentamente. También cita el hecho de que el costo o la dificultad de medir un carácter pueden ser factores limitantes para su inclusión como criterio de selección, por lo que debe ser establecida previamente la relación entre el costo y la exactitud de la medición. Se deben elegir caracteres alternativos de fácil medición y muy correlacionados con la característica que se desea mejorar aunque no presenten valor intrínseco (James, 1987). Según Jurado (1993) también es preciso tener en cuenta las características genéticas de los caracteres que se usan para la selección ya que una baja heredabilidad o una correlación negativa entre ellos puede dificultar e incluso impedir el progreso genético.

Los criterios de selección determinan qué registros deberán recabarse, ya que es un desperdicio de tiempo y de recursos tomar datos que no se van a usar, o por

otro lado, se puede dejar de recabar información que luego se va a necesitar (Cardellino y Rovira, 1987; Gianola, 1991). Gianola (1991), por su parte, enfatiza que el sistema de control de registros debe ser simple pero lo más completo posible. Considera que se deben controlar todos los animales involucrados ya que de otra forma los datos pueden estar completamente sesgados.

Alonso y Alenda (1989) destacan la importancia de estudiar antes de comenzar o durante el desarrollo de un programa de mejoramiento los posibles efectos desfavorables que el proceso de selección pueda provocar en otros caracteres no sometidos a evaluación.

2.2.2. - Características tomadas como objetivo y/o criterio de selección

En los ovinos, tal como sucede con todas las demás especies que el hombre explota comercialmente para su provecho, interesan al mismo tiempo una serie de características. Considerando este aspecto, Ponzoni (1973) realizó una división arbitraria de los caracteres que merecían ser tenidos en cuenta en la selección. Los dividió en caracteres *indeseables*, o sea aquellos que decididamente constituyen un defecto, caracteres de *importancia discutible*, es decir aquellos que corrientemente reciben atención, pero que de acuerdo con la información disponible no merecerían prioridad, y finalmente caracteres *deseables*, o sea aquellos directamente relacionados con la producción a que se destinan los animales.

2.2.2.1.- Características indeseables

Las llamadas características indeseables se asocian de alguna manera con niveles de producción menores o con la presencia de rasgos perjudiciales en el producto final. Se incluyen dentro de este grupo: criptorquidia y monorquidia, prognatismo, vellones fuera de la finura que se persigue, desuniformidad dentro del vellón, fibras pigmentadas (lunares negros) o meduladas (pelos y kemps), defectos de color, excesivas arrugas en la piel (principalmente en Merino y en alguna de sus razas asociadas), excesiva lana en la cara, etc. (Ponzoni, 1973; Scott, 1987). Según Scott (1987) éstas constituyen sin excepción el primer objetivo de un criador, ya que considera que el mismo elimina en primer término animales con fallas obvias mediante apreciación visual.

Muchos de estos caracteres pueden ser evaluados a edad temprana en el animal, lo que constituye una ventaja a los efectos de reducir en número la población a criar hasta el momento en que se haga la selección final. La proporción de animales refugados de acuerdo con este criterio dependerá del margen de refugo posible, y de la incidencia de los distintos defectos, es decir de la situación que se plantee en cada caso particular (Ponzoni, 1973). En la práctica según Cardellino y Ponzoni (1985) si la cantidad de animales que se refugan previamente es pequeña, no afecta seriamente

la efectividad del programa de mejoramiento.

Vale acotar que en la actualidad el refugio por este tipo de características es cada vez menor debido al esfuerzo realizado para la eliminación de los mismos en los últimos años.

2.2.2.2.- Características de importancia discutible

Dentro de los caracteres de discutible importancia Ponzoni (1973) considera: tipo racial, constitución, conformación (mencionado también por Scott, 1987), aplomos y presencia de cuernos o astas. Lewer y MacLeod (1990; citados por Atkins y Casey, 1994) haciendo referencia a características de conformación y aquellas relacionadas con la protección frente al ambiente (determinada principalmente por los componentes del vellón, Scott 1987) consideran a las mismas como la causa de algunos de los diferenciales de selección disponibles aún cuando éstos no tengan correlación con la performance.

Luego de un análisis detallado sobre cada carácter Ponzoni (1973) concluye, que dichas características no necesitan ser objeto de primordial atención en un plan científico de selección, y plantea que el hecho de hacer una pobre definición de objetivos lleva a que se consideren caracteres no relacionados con la producción, que aunque en sí mismos no son perjudiciales, lo serán siempre indirectamente por reducir las posibilidades de selección en aquellos de interés real. Concluyendo sobre este tema hace alusión a una frase de De Alba (1964), la cual dice: *"Cada vez que se elimina un animal por no tener un rasgo deseado aunque tenga alta productividad, se da un paso hacia atrás en la utilidad que una raza presta al hombre"*.

2.2.2.3.- Características deseables

Ponzoni (1973) considera como caracteres cuya mejora es imprescindible a: *producción de lana de determinada calidad, eficiencia reproductiva, y velocidad de crecimiento*.

Dichas características surgen naturalmente si se tienen en cuenta los pasos requeridos para la definición de los objetivos de selección, en donde uno de éstos es el análisis de los caracteres que afectan los ingresos y los costos del sistema de producción.

El análisis de los ingresos de los productores de razas múltiple propósito como pueden ser Merino, Corriedale e Ideal (predominantes en nuestro país) muestra que los mismos se derivan principalmente de la venta de la lana, de la venta del exceso de corderos o borregos, y de la venta de animales de refugio, que pueden ser ovejas o capones viejos dependiendo de la estructura que tenga la majada. Por otro lado, una

definición precisa de los objetivos requiere tener en cuenta que el aumento de los ingresos es proporcional al incremento de los costos de producción, ya sea en alimentación, transporte y comercialización, tratamientos veterinarios, etc..

Cardellino y Ponzoni (1985) y Ponzoni (1986a) realizaron el análisis de las características que deberían considerarse al momento de definir objetivos y las mismas son resumidas en el Cuadro N°1:

Cuadro N° 1- Características biológicas que afectan los ingresos y los costos de producción.

Fuentes de ingresos	Caracteres
Lana	Peso de vellón, diámetro.
Corderos o borregos	Tasa reproductiva, peso a la venta, calidad de la res.
Animales de refugio	Peso adulto, calidad de res.
Fuentes de costos	Caracteres
Alimento	Consumo de alimento
Comercialización de la lana	Peso de vellón
Comercialización de animales	Tasa reproductiva, peso a la venta.
Tratamientos veterinarios	Resistencia a enfermedades.
Mano de obra	"Fácil cuidado"

Fuente : Ponzoni, 1986a

Teniendo en cuenta este cuadro, Ponzoni (1986a) reconoce la existencia de caracteres que uno teóricamente puede identificar como objetivo de selección, y sin embargo resultan formalmente muy difíciles de incorporar dado el conocimiento actual.

Los costos de alimentación representan uno de los más importantes en las empresas ovinas. Estos podrían cuantificarse incluyendo el consumo como objetivo de selección, lo cual no se ha llevado a cabo debido a su difícil medición en condiciones de campo, y a la muy limitada información de parámetros genéticos y fenotípicos existente para esta característica (James, 1936 y 1987; Ponzoni, 1986).

El Cuadro N° 2, señala las principales causas de porque hoy en día no se tienen en cuenta algunas de las características antes detalladas:

Cuadro N° 2- Problemas principales de algunas características productivas.

Carácter	Problemas
Calidad de la res	Falta de parámetros genéticos e inadecuada comercialización.
Consumo de alimento	Falta de información genética y económica para ovinos en pastoreo.
Resistencia a enfermedades	Escasez de parámetros genéticos y dificultad de estimación del valor económico.
Fácil cuidado	Escasez de parámetros y a menudo dudoso valor económico.

Fuente : Ponzoni, 1986a.



Scott (1987) analizó las características elegidas como objetivo de selección en la raza Merino en Australia, concluyendo que a pesar de las diferencias en clima dadas en este país y bajo las cuales se cria dicha raza, el objetivo desde hace un largo tiempo en los cabañeros es el de criar animales con mayor eficiencia en la conversión de pasto en lana, y que mejoren su performance reproductiva, así como la composición de la carcasa, sin deteriorar la cantidad y calidad de la lana producida. El énfasis puesto en la producción de lana y carne depende del tipo de producción (Ponzoni, 1973).

Peso de Vellón

El peso de vellón, como objetivo, puede ser considerado a la esquila (Peso de Vellón Sucio), o luego de lavado (Peso de Vellón Limpio). Si bien el sistema de comercialización de lanas al productor en el Uruguay se realiza sobre base sucia el comercio internacional opera sobre base limpia, que es en definitiva la materia prima industrial. La característica a incluir en el objetivo deberá ser entonces el *peso de vellón limpio*.

El peso de vellón es un carácter compuesto, por lo que resulta válido suponer que las variaciones que en él se registren, van a estar determinadas por variaciones en uno o en más de sus componentes. A pesar de que algunos componentes del vellón no constituyen un objetivo de selección por sí mismo, son tenidos en cuenta indirectamente durante el proceso de selección. El largo de mecha es uno de dichos componentes ya que es indicador de una mayor o menor producción. Otros serían el grado de cobertura de lana en el cuerpo o en la cara como indicadores de la habilidad del animal para producir vellones de alto peso. Piper (1992, citado por Atkins y Casey 1994), hace referencia a que los mismos requieren más precisión en los parámetros genéticos estimados para poder ser incluidos como objetivo y/o criterio de selección.

Rendimiento

La diferencia entre los valores de peso de vellón sucio y limpio determina el Rendimiento al lavado de ese vellón, y por lo tanto la selección de peso de vellón limpio traerá aparejada como respuesta correlacionada un incremento en el *rendimiento al lavado*. Hasta tanto no se disponga de datos experimentales sobre límites máximos de rendimiento parece prudente no utilizar animales con rendimiento al lavado excesivamente altos respecto al promedio de su grupo en el cuál es comparado, ya que según Turner (1977) todo parece indicar que valores muy altos de rendimiento no serían deseables en la medida que disminuye la protección de las fibras frente a factores adversos: clima, polvo, microorganismos, siendo razonable para Scott (1987) mantener los mismos en un rango de 70-75%.

Diámetro de fibra

El sistema de comercialización de lanas a nivel del productor en el Uruguay no utiliza mediciones objetivas del diámetro de la lana, sino la apreciación visual para estimar la finura del lote. No obstante, el comercio internacional se maneja sobre la base de micras y el Uruguay comercializa sus lanas para la exportación con mediciones objetivas de diámetro. Esto indica que el diámetro promedio de las fibras debe ser incluido dentro del objetivo de mejora, pero que también deberá tenerse en consideración en cierta medida la *finura* por apreciación visual.

La casi totalidad de la variación en los precios de la lana está determinada por el peso de vellón limpio de los animales, así como por el diámetro que tenga la fibra, y por lo tanto, desde el punto de vista práctico, con el propósito de definir un objetivo de selección el aspecto de la lana puede ser reducido a esos dos caracteres, lo cuál coincide con lo expresado por Atkins y Casey (1994) para la raza Merino Australiano. Estos últimos, a su vez, señalan el hecho de que ambas poseen una heredabilidad de media a alta y cierto antagonismo entre ellas.

Peso Corporal

Esta característica debe ir acompañando la selección por peso de vellón, ya que un mayor peso del cuerpo resulta en una mayor superficie de piel productora de lana, y por ende ésta puede resentirse, sobre todo en los meses de estrés climático en los cuales se producen pérdidas de peso corporal (Scott, 1987). Si bien esto es así, debe procurarse no criar animales demasiado grandes por las consecuencias que esto puede tener en otras características de lana (como diámetro). González (1982) al considerar este tema sugiere que la producción comercial requiere de una majada cuya eficiencia está finalmente determinada por el alimento requerido y la proporción del mismo que se destina al producto final o a requerimientos de mantenimiento, los cuales son función del peso adulto.

Por otro lado, el peso adulto es una de las características que afecta la producción de carne ovina, conjuntamente con la tasa reproductiva y el peso de los animales medidos como corderos y borregos, en caso de realizarse la venta a estas edades. Este aspecto adquiere mayor importancia en razas carniceras o doble propósito.

El peso de venta de los animales se basa en el estudio de los diferentes pesos corporales como medida de crecimiento, lo cuál ha recibido mucha atención desde las etapas tempranas del desarrollo (González, 1982). Los tres criterios principales serían: peso al nacimiento, peso al destete, y peso al año.

En general, la información sobre peso al nacimiento y sus parámetros genéticos en la literatura, con atención en varianzas o desviaciones estándar, no es abundante. El peso al destete cobra mayor importancia en los sistemas carniceros,

pero su importancia debe ser vista también como una reflexión de la habilidad materna. Ya que el peso al año está muy ligado al peso adulto, su importancia está relacionada a la eficiencia global de la producción (González, 1982).

Tasa Reproductiva

Rae (1982) plantea que una mejora en la tasa reproductiva (medida como número de corderos nacidos o destetados) aumenta la descendencia a partir de la cual se seleccionarán los reemplazos, y por lo tanto permite lograr un mayor diferencial de selección, y así una mayor ganancia genética en las características de interés. A su vez, logra un aumento en el número de animales excedentes para la venta, ya sea como reproductores o para faena.

La tasa reproductiva es función de: la fertilidad (capacidad de la oveja de preñarse, depende de la oveja y del carnero); la fecundidad (nº de corderos por oveja, depende de la oveja y del carnero); y la sobrevivencia de los corderos (depende principalmente de la oveja y del cordero).

2.2.3.- Ejemplos prácticos

Cardellino y Ponzoni (1985) realizaron un análisis en el cuál identificaron las fuentes de costos e ingresos en majadas del Uruguay, y determinaron que las características que debían ser incluidas en el objetivo de mejoramiento eran *Peso de Vellón Limpio*, *Diámetro*, *Número de corderos destetados*, *Peso al destete*, y *Peso Vivo Adulto*. Para ello calcularon los valores económicos relativos de las diferentes características, expresadas en términos de pesos obtenidos durante la vida útil del animal, considerando dos composiciones de majada. Una es una majada de cría en la cual todo el exceso de la progenie se vende como corderos después del destete, mientras que la otra es una majada que se compone de ovejas de cría y de capones (30%), y en donde el exceso de la progenie se vende como corderos después del destete. También consideraron dos relaciones de precio lana/carne diferentes: precio por Kg. de lana sucia / precio por Kg. de cordero en pie de 4/1 para Corriedale y 6/1 para Merino e Ideal. Con estos datos calcularon distintos índices incluyendo varias opciones, y llegaron a las características antes mencionadas.

A modo de ejemplo se pueden citar los caracteres que son tenidos en cuenta en los sistemas de registros y evaluación existentes actualmente en Australia, Nueva Zelanda y Uruguay.

Las características consideradas por el Woolplan (sistema de registros utilizado en Australia para Merino) como objetivo de selección y las cuales fueron ponderadas económicamente constituyendo un índice son: *Peso de Vellón Limpio*, *Diámetro de fibra*, *Nº de corderos destetados*, *Peso de borregos*, *Peso adulto* (basadas en trabajos publicados por Ponzoni, 1982 y citadas por este mismo autor,

1986, 1987).

El Sheeplan (sistema de registros de Nueva Zelanda), por otra parte es un sistema muy detallado que cubre todas las razas y en el cual los animales deben contar con registros genealógicos completos. Los caracteres que se registran son: *Peso de Vellón - Rendimiento, Diámetro, N° de corderos nacidos o destetados, Peso al destete, Peso de borrego, Espesor de grasa* (Ponzoni, 1986b).

En nuestro país el sistema con que se cuenta actualmente de toma de registros es el servicio de Flock-Testing, el cual efectúa la ponderación económica del *Peso de Vellón Limpio, Diámetro, Número de Corderos Destetados, Peso al Destete y Peso Adulto* y crea un Índice para cada animal. Los registros tomados por el criador (criterios) son: peso de vellón sucio y características de apreciación visual tales como finura, toque, carácter y color.

En el Uruguay se puede afirmar con cierta seguridad, que la lana constituyó, desde siempre, la mayor parte de los ingresos de un predio, por concepto de explotación de lanares, lo que lleva a que los caracteres de producción de lana tuvieran un mayor énfasis. Sin embargo la situación que se vive actualmente en el rubro ha cambiado y por lo tanto, cobrarán mayor importancia aquellas características que más se relacionen con el objetivo final buscado.

2. 3. - PARÁMETROS GENÉTICOS

El conocimiento de los parámetros genéticos constituye uno de los pilares del mejoramiento genético animal, conjuntamente con la existencia de variación genética en la población que se busca mejorar. Ambos afectan la posibilidad y la tasa de cambio, así como el método de estimación a utilizar. Los parámetros genéticos son una herramienta para la descripción y caracterización de las poblaciones, y permiten definir las estrategias a tomar para la mejora de las mismas. Es por esto que la estimación de parámetros ha sido un importante campo de estudio desde que la cría animal se ha convertido en una disciplina científica (González, 1982), acompañado de la elaboración de teorías genético-estadísticas que han facilitado dicho estudio.

Paralelamente a la definición de los objetivos de mejoramiento y criterios de selección se debe tener en cuenta si las características a incluir en el programa pueden ser mejoradas genéticamente, lo cual está indicado por la magnitud de los valores de los parámetros genéticos. El método de selección aplicado varía en función de los parámetros que se apliquen.

Según Ponzoni (1991) la información de los parámetros genéticos para las características del objetivo de selección así como para las consideradas criterios es necesaria para:

- i) determinar la contribución de cada uno de los criterios en la estimación del valor de cría;
- ii) combinar los criterios de selección de manera óptima; y
- iii) predecir las consecuencias de la selección.

Como las poblaciones son dinámicas, éstas cambian con el transcurso del tiempo y debido a que los parámetros genéticos son función de la constitución genética de la mismas, entonces éstos también se modificarán. Teniendo en cuenta este aspecto es que González (1982) plantea la necesidad de realizar nuevas estimaciones de los parámetros periódicamente, y menciona algunos aspectos que llevan a que las mismas varíen. Los mismos son: 1) disponibilidad de nuevos datos; 2) el cambio genético sucedido en las poblaciones, debido a la selección natural o artificial, o al azar, que provoca disminuciones de la varianza aditiva reduciéndose de este modo los parámetros poblacionales estimados (Turner y Young, 1969 citados por Mortimer, 1987); 3) cambios en el ambiente al cual la población está expuesto; y 4) mejora en los métodos de estimación disponibles.

Por otro lado, existen factores inherentes a la forma de estimación de los parámetros que hacen que los valores de las estimaciones cambien. Gomes da Silva (1982) los detalla como: a) desvíos de muestreo derivados de obtener estimaciones de muestras finitas de datos; b) errores de interpretación; c) problemas ligados a los métodos de estimación utilizados, y en particular a la elección del modelo estadístico.

Los parámetros genéticos no son solo propiedad de una característica sino también de la población y de las circunstancias ambientales bajo las cuales están los individuos. Como los mismos dependen de la magnitud de todos los componentes de varianza, un cambio en cualquiera de ellos los afectará. Por lo tanto, los parámetros genéticos para un carácter dado deberán ser referidos a una población en particular la cual está bajo condiciones particulares, y la extrapolación de datos de parámetros de otras poblaciones, así como las estimaciones realizadas a partir de muestras limitadas de datos, es riesgosa. Esto se puede ver claramente en un estudio sobre parámetros genéticos realizado por James et al. (1990) en donde se encontró que existen diferencias en los parámetros estimados de algunas características entre el grupo familiar Collinsville y otras líneas de Merino.

Ponzoni (1991) hace mención a la frecuencia con que sucede el hecho de la falta de información de los parámetros en las poblaciones sobre las que se está trabajando, y recomienda para esos casos el uso de estimaciones publicadas en literaturas científicas. Debería darse preferencia a los valores generados de poblaciones de razas o líneas lo más cercanas posible a las de interés, y mantenidas bajo condiciones ambientales similares. Aún así, este mismo autor, plantea que la solución más apropiada a largo plazo es la estimación de parámetros genéticos y fenotípicos más confiables con las razas en cuestión y bajo condiciones ambientales que reflejen aquellas prevalentes en las majadas comerciales, con un manejo estándar aceptable.

Mortimer (1987) opina que los problemas para la estimación de parámetros surgen de la limitada información de pedigrí existente, así como de la falta de registros de producción. Como consecuencia, poca información se ha obtenido y utilizado del volumen de registros acumulado de las majadas comerciales. Falconer (1981), por su parte, plantea que adicionalmente al problema práctico de qué fuente de información hay disponible, existen dos puntos a considerar: precisión y sesgo de la estimación; también citados por González (1982) como objetivos fundamentales de las estimaciones de parámetros, los cuales serían obtener estimaciones que sean insesgadas y que presenten una mínima varianza.

En general, a mayor grado de parentesco, mayor precisión. Al respecto Cardellino y Rovira (1987) señalan que en general se utiliza información de individuos que no tengan menos de un 25% de coeficiente de parentesco, valor que justifican debido a que el parecido entre parientes más lejanos sería demasiado bajo y entonces se necesitaría un número excesivamente grande de animales para detectar diferencias estadísticamente significativas y evitar errores grandes de muestreo.

Con respecto a la escasez de parámetros confiables disponibles, Ponzoni (1991) concluye que ésto no puede ser una excusa para evitar la formulación de programas científicos de mejora genética, ya que en cualquier caso estarán implícitos valores cuando se realicen decisiones de selección. Para ello es mejor entonces, lograr valores explícitos, eligiéndolos cuidadosamente de la información disponible, y asegurándose de que tienen sentido biológica y estadísticamente. Si fuera necesario, la elección de valores puede rectificarse cuando aparecen disponibles nuevos conocimientos.

Para la formulación de programas de mejoramiento dentro de majadas, Mortimer (1987) considera necesarios la estimación de cuatro parámetros: la heredabilidad y la repetibilidad de características individuales, y la correlación genética y fenotípica de pares de características.

2.3.1.- Heredabilidad

La heredabilidad de una característica cumple un rol predictivo, expresando la precisión del uso del valor fenotípico como predictor del valor de cría del animal (Falconer, 1981), así como es indicativa de la respuesta a la selección de determinada característica (Gregory, 1982 y Cardellino - Rovira 1987). A su vez, la magnitud de la heredabilidad va a determinar el método de selección a utilizar (Ponzoni, 1973), por lo que obtener la heredabilidad de una característica es uno de los primeros objetivos en el estudio genético de las mismas.

Conceptualmente, los valores de la heredabilidad varían en un rango de 0 a 1, o de 0% a 100%, si se expresa como porcentaje. En general, los valores se clasifican arbitrariamente como altos (0.30 y más), medios (0.15 a 0.30) y bajos (menos de

0.15).

Un promedio de heredabilidades se presenta en el Cuadro N°3, considerando solamente las características productivas que serán analizadas en este trabajo.

Cuadro N° 3 - Heredabilidades promedio para características productivas.

Método de estimación	Características	Heredabilidad Promedio	Rango de heredabilidades	Desvío estándar promedio
Correlación entre medio hermanos	PVL	0.27	0.12 - 0.39	0.10
	DF	0.68	0.42 - 1.03	0.15
	PC	0.40	0.25 - 0.53	0.12
Regresión madre – progenie	PVL	0.36	0.28 - 0.50	0.04
	DF	0.47	0.30 - 0.62	0.03
	PC	0.68	0.63 - 0.73	0.05
Regresión padre – progenie	PVL	0.29	0.10 - 0.52	0.14
	DF	0.25	-0.01 - 0.49	0.09
	PC	0.25	0.10 - 0.58	0.09
Regresión intra padre	PVL	0.33	0.29 - 0.38	0.075
	DF	0.43	0.33 - 0.56	0.075
	PC	0.47	0.43 - 0.54	0.070
Promedio de los tres métodos	PVL	0.31		0.09
	DF	0.46		0.09
	PC	0.45		0.08

PVL= peso de vellón limpio; DF= diámetro de fibra; PC= peso corporal.

Fuente: Ver Anexos (cuadros N° : 1,2,3 y 4)

De dichos valores se desprende que la heredabilidad para las características productivas consideradas son altas, es decir que la selección por cualquiera de ellas permitirá una buena respuesta en la selección. Los tres métodos no presentan diferencias importantes en la magnitud de sus valores.

Los valores promedio de heredabilidad para peso de vellón presentados concuerdan con los encontrados por Fogarty (1994), quien estudió los parámetros poblacionales estimados por diferentes autores, métodos y sobre diversas razas y poblaciones, arrojando heredabilidades para peso de vellón sucio de 0.35 y para peso de vellón limpio de 0.36. A su vez, González (1982), cita heredabilidades promedio para peso de vellón sucio de 0.37 con diferencia entre las razas Merino y Romney de 0.41 para la primera y 0.30, para la segunda.

En cuanto al diámetro de fibra Fogarty (1994) halló un promedio de 0.51, similar al presentado aquí, con excepción del valor promedio obtenido por el método de regresión del padre con la progenie.

El análisis realizado por Fogarty (1994) se basó en el estudio de los parámetros genéticos para dos sistemas de producción diferentes (de doble propósito y lanero), no encontrando diferencias entre ellos en las estimaciones de heredabilidad

para las características de la lana. En cambio, la heredabilidad del peso corporal presentó fluctuaciones en función del sistema de producción, siendo menores en sistemas carniceros (0.25), intermedios en sistemas doble propósito (0.31) y mayores en los sistemas laneros (0.57). Estas fluctuaciones también se dan, según este autor, por diferencias en la edad de los animales al momento de realizar las estimaciones, ya que las características de peso vivo muestran una heredabilidad que tiende a aumentar con la edad.

Gregory (1982) determinó que para peso de vellón sucio y limpio, rendimiento al lavado y diámetro de fibra, la heredabilidad es de moderada a alta. Las estimaciones que realizó por correlación entre medio hermanos dieron resultados similares a las obtenidas por regresión madre-progenie, lo cual coincide con lo obtenido por Mullaney et al. (1970), quien sugiere que esto indicaría que los efectos maternos son de escasa importancia en las características de producción y calidad de lana. Por otro lado, Hancock et al. (1979), realizaron estimaciones con otros dos métodos: regresión padre-progenie y regresión intra padre y lo compararon con las estimaciones realizadas con correlación entre medio hermanos. De los resultados concluyeron, que los tres métodos dan resultados similares, a excepción de la estimación para diámetro de fibra, que presentó valores de heredabilidad marcadamente mayores por el método de correlación entre medio hermanos. Sugieren que estos sesgos pueden ser debidos, en el caso de medio hermanos, al efecto maternal que aumentaría la heredabilidad estimada; y en el caso de la regresión entre padre-progenie al hecho de que cada carnero se aparea con muchas hembras lo cual va en detrimento de las estimaciones.

Por el método de estimación de correlación entre medio hermanos, en general, existió buena relación entre las heredabilidades estimadas en carneros y ovejas, excepto para PVL (Gregory, 1982). Por el contrario, tanto en el análisis realizado por Hancock et al. (1979), como en el de Nsoso et al. (1994) las estimaciones de la heredabilidad presentaron diferencias entre sexos, siendo algo menores las obtenidas de registros de hembras.

Con respecto a las características reproductivas Fogarty (1994), encontró que las estimaciones de heredabilidad presentan un rango muy amplio, asociado a errores estándar grandes. Esto se debe al hecho de que los análisis para estas características presentan problemas en divisar modelos adecuados, especialmente en explicar la naturaleza binomial o discreta de los datos, y la combinación de progenes de medio hermanos y hermanos enteros, así como las extensas relaciones entre parientes. A pesar de este amplio rango, los valores de las estimaciones son en general bajos aumentando considerablemente si se calculan teniendo en cuenta el promedio de la vida reproductiva de los animales.

Ponzoni (1973), a través de estimaciones de heredabilidad para características de lana realizadas por diferentes autores, concluye que excepto para algunas características (ej.: peso de vellón sucio y color) en el Romney Marsh, las

estimaciones son de medianas a altas, mayores a 0.3. Teniendo en cuenta la magnitud de dichas estimaciones determina que se puede afirmar que, excepción hecha del Romney, la selección por estos caracteres efectuada sobre la base de los registros individuales de los animales, conducirá a una rápida respuesta.

En función de los trabajos que aplicaron factores de corrección se puede concluir que a partir de los registros de 17 meses de edad no se dan diferencias importantes en las estimaciones ajustadas con respecto a las no ajustadas, siendo mayores las ajustadas para todas las características cuando los registros fueron tomados a los 3 y 11 meses de edad (Reid, 1987).

Si se observan los valores de error estándar obtenidos por los cuatro métodos de estimación, se nota una clara diferencia en la precisión de los mismos. Los errores de los métodos de regresión intra padre son aproximadamente la mitad de los obtenidos por el método de correlación entre medio hermanos; mientras que los de regresión padre-progenie son más similares a los de medio hermanos. Según Hancock et al. (1979), esto podría hacer suponer que las estimaciones por el método intra padre son más precisas, pero citando a Robertson (1959) hacen mención a que se debe tener en cuenta que este método tiene sesgos debido a efectos maternos.

Para nuestro país existe un único antecedente de estimaciones de heredabilidad para las características productivas en ovinos, realizado por Cardellino y Cardellino (1992, citado por Cardellino, 1992). Para el cálculo utilizaron los registros acumulados, durante 4 años en el banco de datos del S.U.L., de 8 cabañas de la raza Corriedale. Contaban con datos obtenidos a galpón de 10000 animales y 6000 datos de laboratorio. Los valores de heredabilidad estimados para peso de vellón limpio (0.35) y peso de vellón sucio (0.43), si bien son algo mayores que los promedios mostrados están dentro del rango esperado. Los valores de diámetro de fibra (0.37) y de peso corporal (0.36), están por debajo de los promedios presentados, a excepción del promedio obtenidos de las estimaciones realizadas por el método de regresión padre-progenie.

2.3.2.- Repetibilidad

El conocimiento de este parámetro poblacional tiene para Falconer (1981), tres usos principales: 1) mostrar cuánto se gana en precisión por repetir mediciones de la misma característica en diferentes momentos; 2) determinar los límites máximos de la heredabilidad; y 3) predecir la performance futura según los registros pasados.

Reid (1987) realizó un análisis sobre la progenie de cameros Polwarth, en donde efectuó estimaciones de repetibilidad usando correlación intra clase. Se realizaron mediciones de PVS, RL, PVL, DF y PC en todos los animales a partir de los 3 meses de edad hasta los 75 meses de edad, con una esquila por año. Este método fue utilizado con el fin de determinar la correlación existente entre medidas

sucesivas de los animales a diferente edad, ya que una de las preocupaciones en un plan de mejoramiento es el hecho de que la performance a edades tempranas es una guía pobre de la producción total de un animal, y más importante aún de la producción de la progenie de los carneros. Es así que se realizaron correlaciones entre las medidas realizadas a los 3, 11 y 17 meses de edad y la performance como adulto. En función de los resultados, Reid (1987) concluye que la esquila de corderos permite registros con una muy baja correlación con lo que sería la producción del animal durante toda su vida ($r = 0.24$), mientras que las esquilas a los 11 o 17 meses de edad presentaron correlaciones altas (0.69 y 0.65, respectivamente).

Resultados similares fueron obtenidos por Mullaney et al. (1970) quienes realizaron estimaciones de repetibilidad en la progenie de tres razas (Merino, Corriedale y Polwarth) medidas a dos edades distintas (18 y 30 meses de edad), y en la que concluyen que existe una alta correlación entre las medidas tomadas a los 18 meses y las registradas a los 30 meses de edad (mayores a 0.5) en las tres razas. Con respecto a este tema, Brown (1968, citado por Mullaney et al., 1970) encontró que la correlación entre sucesivas medidas para PVL aumentaban significativamente con la edad de la oveja, y da ejemplos de correlaciones entre la primer esquila (15-16 meses de edad) y las consecutivas del rango de 0.62 a 0.66; mientras que para animales de mayor edad (entre la tercer y quinta esquila) las correlaciones aumentan a 0.73 y 0.75. Pero aún así, este autor observando correlaciones obtenidas en casos en los que se realizaron mediciones al destete y a los tres meses de edad, llegó a conclusiones similares a las logradas por Reid (1987), sobre que las correlaciones a partir de los 11-17 meses de edad son lo suficientemente altas como para poder predecir el comportamiento futuro de los animales. Este concepto es reafirmado por Mortimer (1987) quien encontró que la mayoría de las estimaciones se basan en registros obtenidos a los 14-16 meses de edad, con 12 meses de crecimiento de la lana.

Las repetibilidades obtenidas en el trabajo de Reid (1987), se hallaron con registros corregidos por tipo de nacimiento y edad, y son las que se presentan en el Cuadro N°4:

Cuadro N° 4 - Estimaciones de Repetibilidad para algunas características productivas.

CARACTERÍSTICA	REPETIBILIDAD ESTIMADA
PVL	0.57
Diámetro de fibra	0.60
Peso Corporal	0.52

Fuente : Reid (1987)

Estos valores concuerdan con los obtenidos por Mullaney et al. (1970), los cuáles fueron mayores a 0.5 para las características PVS, PVL, DF y RL; y con el rango de repetibilidades presentado por Mortimer (1987), que va de 0.5 a 0.8 para las mismas características y PC. Fogarty (1994), por su parte, cita valores promedio de 0.52 para PVL y 0.70 para DF.

Mortimer (1987), encontró diferencias entre razas y sexo en las estimaciones para pesos de vellón (tanto limpio como sucio), lo cual se contradice con lo hallado por Mullaney et al. (1970) quienes obtuvieron estimaciones similares entre las tres razas. Estos últimos concluyen que este hecho hace parecer que las mismas estimaciones de repetibilidad podrían ser utilizadas para predecir las ganancias de producción bajo selección de cada una de estas razas. Referido a este aspecto, Cardellino y Rovira (1987) sugieren que es necesario obtener estimaciones de repetibilidad en las poblaciones locales con las cuales se trabaja y bajo las condiciones en que los animales son seleccionados, ya que a pesar de que los valores extrapolados de otras poblaciones o razas pueden servir como guía porque generalmente coinciden bastante, ocasionalmente pueden haber diferencias.

A partir de las estimaciones presentadas, y de los rangos sugeridos por los distintos autores se concluye que sus altos valores permiten inferir que los animales que tienen un alto ranking, en comparación con sus contemporáneos, a una edad temprana tenderán a retener dicha superioridad a edades más tardías.

2.3.3.- Correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales

El valor genético de un animal es generalmente función de varias características cuantitativas interrelacionadas. Esas características, las cuales determinan un valor de cría agregado, pueden diferir en su grado de determinación genética y pueden estar correlacionadas positiva o negativamente en forma genética (pleiotropía o ligamiento), fenotípica o ambiental (dos caracteres son influidos de igual manera bajo las mismas condiciones ambientales).

Las correlaciones predicen la dirección y la tasa del cambio en características distintas de las que están bajo selección (James, 1990) y tienen un papel decisivo en determinar qué caracteres se incluyen en un índice de selección y qué peso relativo se le dará a cada uno de ellos (Cardellino y Rovira, 1987).

El Cuadro N°5, muestra estimaciones de correlaciones genéticas y fenotípicas promedio.

Cuadro N° 5 - Estimaciones promedio de correlaciones genéticas (debajo de la diagonal) y fenotípicas (encima de la diagonal).

	Peso de Vellón Sucio	Peso de Vellón Limpio	Rendimiento	Diámetro de Fibra	Peso Corporal
PVS		0.88	-0.01	0.30	0.46
PVL	0.76		0.38	0.23	0.36
RL	-0.22	0.43		0.003	0.03
DF	0.09	0.15	0.05		0.03
PC	0.10	0.10	-0.06	-0.007	

Fuente : Ver Anexos (cuadro N°5)

El promedio de las estimaciones de correlaciones encontradas tanto genéticas (0.76) como fenotípicas (0.88) entre peso de vellón sucio y limpio fueron altas, con una dispersión de los datos baja. Las estimaciones promedio citadas por Mortimer (1987) y Fogarty (1994) fueron algo mayores para las genéticas (0.81 y 0.84, respectivamente), no presentando diferencias en las correlaciones fenotípicas. Por lo tanto, Mortimer (1987) plantea que el hecho de que todos los estudios reporten correlaciones muy altas estaría indicando el éxito del uso del peso de vellón sucio como criterio de selección indirecto para mejorar el peso de vellón limpio.

Por el contrario, la correlación genética entre peso de vellón sucio y rendimiento presentó valores muy diferentes, dependiendo de la población y del método de estimación, con un rango de -0.70 (Hancock et al., 1979) a 0.58 (Mullaney et al., 1970).

Sin embargo, esto no sucedió con las estimaciones genéticas entre peso de vellón limpio y rendimiento, las cuáles presentaron un rango menor con valores que fueron siempre positivos.

Las correlaciones genéticas entre peso de vellón sucio (0.09) o limpio (0.15) y diámetro de fibra promedio fueron positivas y algo menores a las encontradas por Mortimer (1987) y Fogarty (1994), si bien guardaron la misma relación, con valores promedio para peso de vellón sucio de 0.15 y 0.17 y para peso de vellón limpio de 0.25 y 0.27, respectivamente. Teniendo en cuenta sus resultados Hancock et al. (1979), sugieren que los mismos estarían indicando que la selección por peso de vellón limpio no llevará a aumentos importantes en el diámetro de fibra, lo cuál sería contraproducente. Este hecho fue puesto de manifiesto en la población estudiada por Gregory (1982), en la cual no se notaron aumentos en el diámetro de fibra, a pesar de 12 años de selección por peso de vellón limpio (Gregory y Ponzoni, 1981; citados por Gregory, 1982).

La correlación genética promedio entre producción de lana y peso vivo a diferentes edades presentó un rango desde -0.21 (Brash et al., 1994) a 0.31 (Hancock et al., 1979) para peso de vellón sucio, y de -0.22 (Hancock et al., 1979) a 0.31 (Hancock et al., 1979) para peso de vellón limpio. Este rango si bien menor, también fue encontrado por Fogarty (1994) con valores promedio positivos. Las correlaciones fenotípicas fueron mayores y presentaron un rango menor (0.46 y 0.36 para ambas características).

De acuerdo a las estimaciones de correlaciones genéticas realizadas por Gregory (1982), éste concluye que como el principal carácter en la producción de lana sigue siendo el peso de vellón limpio, un aumento en éste llevará a incrementos en el peso corporal, peso de vellón sucio y rendimiento.

Por otro lado, Fogarty (1994) analizando las correlaciones, especialmente las genéticas, entre producción de lana y las características reproductivas encontró

valores altamente variables. A pesar del alto rango, el promedio de las mismas es cercano a cero para la mayoría de las combinaciones de características con tres o más estimaciones.

La variabilidad en las estimaciones de correlaciones genéticas y fenotípicas publicadas puede deberse parcialmente, según Mortimer (1987), al uso de diferentes líneas, sujetas a selección diversa, e influencias ambientales dispares, con distinto tamaño de la población.

Gregory (1982) realizó estimaciones de correlaciones ambientales utilizando el método de correlación entre medio hermanos y los valores que obtuvo fueron los mostrados en el Cuadro N° 6:

Cuadro N° 6 - Correlaciones ambientales entre características.

	PVS	PVL	RL	DF
PVL	0.87			
RL	-0.07	0.40		
DF	0.31	0.26	-0.07	
PC	0.48	0.46	0.04	0.10

Fuente : Gregory, 1982.

2.3.4.- Síntesis

El conocimiento de los parámetros genéticos es, en definitiva, determinante de las decisiones a tomar en torno a un plan de mejoramiento genético. Son los que definen las características a incluir en el objetivo de selección, y cuales serán las consideradas en el criterio. A su vez, la magnitud de los mismos regula la tasa de cambio en la población, por lo tanto una elección adecuada de los parámetros condiciona el éxito o el fracaso de dicho plan de mejora.

Los valores de heredabilidad de las características productivas en ovinos son de medios a altos, no presentando variaciones importantes entre razas, poblaciones o métodos de estimación de la misma.

Si bien los parámetros genéticos para las características reproductivas son muy variables, dependiendo de la población y de la raza, en general los mismos tienden a cero, lo que implica que incluir este tipo de características en un plan de mejora llevará a avances genéticos muy lentos.

La correlación positiva del diámetro de fibra con peso de vellón y del cuerpo, tiene desventajas desde el punto de vista de la selección, las cuales son mermadas por el bajo valor absoluto de las mismas.

2.4.- ELECCIÓN DE UN MODELO PLAUSIBLE

La elección de un modelo para el análisis de los registros es un paso fundamental, aunque difícil, de la práctica del mejoramiento animal. Un modelo, para Gianola (1991) es una representación matemática de los factores que afectan a un registro de producción. Gianola et al. (1990) definen al modelo como una abstracción de la realidad, y sugieren que probablemente no exista un modelo "verdadero". A pesar de esto, el hecho de que los eventos puedan ser descritos razonablemente, hace a los modelos útiles para estudiar sucesos complejos, empleando pocos parámetros. Para la construcción de dichos modelos es necesario asumir ciertas simplificaciones de los procesos biológicos más importantes, de manera de hacerlo computable. Los mismos deben ser, según Cardellino y Rovira (1987), relativamente sencillos y de fácil manipulación matemática.

Los modelos pueden ser univariados, es decir consideran una sola característica, o multivariados, tienen en cuenta varias características simultáneamente. Entonces, el conocimiento de determinados parámetros, como varianzas y correlaciones entre características es fundamental para la elaboración de los distintos modelos (Gianola, 1991).

El fenotipo de un individuo se debe a la acción conjunta de su genotipo más la del ambiente. Este modelo genético es el más simplificado, y constituye generalmente la base para la construcción de los modelos estadísticos, ya que distingue claramente los componentes que deben ser tenidos en cuenta al momento de describir los procesos biológicos. Se conoce con el nombre de Modelo Genético Básico, y se expresa linealmente según Mao (1984) de la siguiente manera:

$$\text{PERFORMANCE} = \text{HABILIDAD} + \text{OPORTUNIDAD}$$

La composición genética de un individuo determina su HABILIDAD para producir, y está dada por la acción e interacción de los genes que afectan la característica. A su vez, el ambiente le brinda la OPORTUNIDAD para expresar dicha habilidad. La desigualdad de oportunidades debe ser tenida en cuenta al momento de elegir entre individuos. La predicción de los valores de cría de los animales pasa necesariamente por ajustar los registros a una oportunidad constante para todos.

La relación entre habilidad y oportunidad también puede expresarse en términos de fenotipo (obtenido por medio de los registros de performance) quedando entonces:

$$P = G + E \quad \text{siendo,}$$

P = valor fenotípico del individuo
 G = valor genético del individuo
 E = es el valor que tiene en términos de producción las circunstancias ambientales.

La función real que relaciona estos componentes es seguramente muy compleja, por lo que se asume que los mismos actúan en forma aditiva, y que no existe interacción entre ambos, es decir que los animales genéticamente buenos o malos lo serán en todos los ambientes (Pirchner, 1983; Jurado y Carabaño, 1989). De este aspecto radica el problema estadístico para Gianola (1991), ya que el mismo consiste en separar el efecto de interés (valor genético o valor de cría) de aquellos otros factores incluidos en el modelo (ambiente u oportunidad).

2.4.1.- Componente Ambiental del Modelo Básico

Mao (1984) hace referencia a que para comparar animales en su habilidad para producir debemos eliminar las diferencias estadísticas debidas a la oportunidad, ya que el ambiente puede modificar una característica por varios caminos, lo cual causa que animales con similar habilidad se comporten diferente, o animales de habilidad distinta sean similares.

Dentro de lo que sería el componente ambiental se pueden distinguir, a su vez, distintos efectos, ya que no todos influyen de forma similar los registros. Los mismos serían:

*** Efectos ambientales Sistemáticos, Corregibles o Ajustables:**

Estos efectos están presentes en todos los rodeos, y se puede conocer en cada individuo la magnitud del mismo. Como las causas de dichas diferencias están identificadas, los registros de producción pueden ser fácilmente agrupados en categorías, estandarizados mediante el uso de factores de corrección disponibles (aditivos o multiplicativos), o bien incluidos directamente en el modelo.

*** Efecto Rodeo - Año - Estación:**

Este efecto hace referencia a las diferencias existentes en recursos y esquemas de manejo que afectan a un rodeo en particular, las que pueden variar entre rodeos, años y/o estaciones. El nivel de este efecto es conocido, sin embargo no puede ser estandarizado, ya que es imposible "llevar" los registros a un mismo nivel de recursos o manejo. En general no actúan aditivamente sino que presentan diversas interacciones. Para considerar este efecto se puede seleccionar dentro de individuos del mismo rodeo, en un mismo año y en determinada estación, expresando la población de individuos como desvíos de la media de su población (Mao, 1984). Actualmente las evaluaciones lo incorporan en el modelo estadístico.

*** Efectos ambientales propios de cada individuo:**

Estos efectos no pueden ser estandarizados, ya que el nivel del mismo no puede conocerse, debido a que la influencia favorable o no que tengan sobre un individuo se

dará por azar. La misma puede continuar durante toda la vida productiva del animal o solo afectar registros temporariamente.

2.4.1.1.- Efectos Ambientales Sistemáticos

La literatura es consecuente en destacar algunos factores ambientales que afectan la eficiencia de producción de los animales, independientemente de la raza ovina sobre la que se trabaje, o del rodeo, o población a la que pertenecen. En términos generales se destacan:

- * tipo de nacimiento y cría
- * edad de la madre
- * fecha de nacimiento
- * sexo del cordero

A continuación se discute brevemente, ya que escapa a los objetivos de esta revisión realizar un análisis exhaustivo de los mismos, el efecto de cada uno de los factores mencionados sobre las características de producción a considerarse en este trabajo. Mayor información puede obtenerse de las tesis de grado presentadas por Peñagaricano y Vacca (1990), Bado y Urrutia (1991) y Ducassou y Maisterra (1996), las cuales se basaron en el estudio de los factores ambientales sobre características productivas de ovinos, específicamente.

2.4.1.1.1.- Tipo de Nacimiento y Cría

Este efecto hace referencia a si el animal nació y fue criado, durante la lactancia, como único o mellizo. La literatura es coincidente en mostrar que los animales nacidos y criados como únicos presentan mayores pesos de vellón (tanto sucio como limpio) y peso del cuerpo. Respecto al diámetro de fibra los autores consultados, encontraron que los animales nacidos y criados como únicos presentan diámetros de fibra más finos que los nacidos y criado como mellizos.

En términos generales, implica que los animales nacidos y criados como mellizos sean refugados en mayor proporción que los únicos, si no se tiene en cuenta este efecto, de acuerdo a lo planteado por Ponzoni (1973).

Efecto sobre el Peso de Vellón

Como ya fue mencionado, los antecedentes encontrados muestran que animales nacidos y criados únicos presentan mayor peso de vellón que nacidos y criados como mellizos, para todas las razas y poblaciones analizadas, e independientemente de la edad a que los pesos fueron registrados, y del sexo del animal.

Las diferencias en peso de vellón (tanto sucio como limpio) a favor de los únicos presentó un rango que va desde 0.05 Kg a 0.64 Kg, significativo, según bibliografía internacional (Turner, 1961; Ponzoni, 1973; Gregory y Ponzoni, 1981). Estos valores están dentro de los rangos nacionales estimados por Peñagaricano y Vacca (1990) y Ducassou y Maisterra (1996), los que se ubican entre 0.096 y 0.60 Kg

A pesar de que las diferencias estimadas por Bado y Urrutia (1991) fueron del orden de los 0.04 y 0.20 Kg para peso de vellón limpio y sucio, respectivamente, éstas no resultaron significativas. Estos autores atribuyen este hecho, a la buena alimentación postdestete recibida que logró reducir la restricción impuesta en los mellizos durante la gestación y lactancia.

Si bien, las diferencias en peso de vellón favorecen siempre a los nacidos y criados únicos, éstas pueden ser reducidas cuando la crianza se realiza como únicos de acuerdo a los resultados mostrados por Mortimer y Atkins (1989, citados por Mortimer y Atkins, 1993), en donde las diferencias pasan de ser del 7% a 4%.

Según el trabajo de Turner (1961) los machos presentan mayores diferencias en magnitud, entre únicos y mellizos, que las hembras. Los valores estimados por este autor son de 0.14 Kg en hembras y 0.22 Kg en machos. Contrario a ésto, fueron los resultados obtenidos por Ducassou y Maisterra (1996), quienes encontraron diferencias significativas en hembras de 0.21 Kg a favor de las únicas, y no significativas en machos de 0.013 Kg

Por su parte, Gregory y Ponzoni (1981), no obtuvieron diferencias significativas entre años, a pesar de que la magnitud del efecto varió en forma considerable según el año analizado. Por esta razón, no consideran adecuado la utilización de factores de corrección estándar, por lo cual en caso de que el tamaño de la población permita estimar adecuadamente los tales efectos, debería realizarse la corrección año a año.

Efecto sobre el Diámetro de Fibra

Existe coincidencia entre los autores sobre el hecho de que los mellizos presentan mayores diámetros de fibra que los únicos, atribuible a un efecto compensatorio. Las diferencias encontradas fueron significativas, con una magnitud de 0.54 micras para Ducassou y Maisterra (1996), y de 0.51 micras para Gregory y Ponzoni (1981).

Por el contrario, para Bado y Urrutia (1991) el tipo de nacimiento no afectó en forma significativa el diámetro de la fibra, a pesar de que la magnitud de la diferencia fue mayor a las encontradas anteriormente (0.92 micras). Debe hacerse mención que la población con que trabajaron estos autores fue reducida (40 animales), por lo que los efectos podrían estar enmascarados.

Efecto sobre el Peso del Cuerpo

El tipo de nacimiento presenta en la mayoría de los trabajos un efecto significativo sobre el peso del cuerpo, a favor de los únicos, dependiendo la magnitud del mismo de la edad a la que se registra.

Los trabajos de Bado y Urrutia (1991) y Ducassou y Maisterra (1996), realizaron mediciones a tres edades diferentes: al nacer, al destete y a la esquila. Para las mediciones realizadas al nacer, los valores fueron del orden de 1.1 Kg y 0.69 Kg, significativos, respectivamente. Los pesos al destete, por su parte, presentaron un rango más amplio, que fue desde 0.63 Kg a 2.60 Kg, también significativos, para ambos casos. El peso a la esquila, sin embargo, presentó diferencias entre los trabajos, ya que para Bado y Urrutia (1991) las diferencias no dieron significativas y el valor favoreció a los mellizos en 1Kg, contrariamente a lo que sucedió en el análisis de Ducassou y Maisterra (1996) donde las diferencias fueron significativas y el valor favoreció a los únicos en 1.743 Kg.

Gregory y Ponzoni (1981), por su parte, encontraron una diferencia significativa de 2.09 Kg entre únicos y mellizos, con un rango de variación importante entre años, que va desde 1.0 Kg a 4.1 Kg.

2.4.1.1.2.- Edad de la Madre

Los resultados obtenidos por diversos autores, hacen énfasis en el efecto que la edad de la madre tiene en los registros fenotípicos de sus hijos, para las características peso de vellón y peso corporal. Las diferencias más importantes se producen al comparar la progenie de borregas dos dientes con la de madres adultas.

Efecto sobre el Peso de Vellón

Referido al peso de vellón sucio, son contundentes los resultados que señalan que los vellones de borregos nacidos de madre adulta son más pesados que el de los nacidos de madre joven o primípara. El rango de variación encontrado en la literatura internacional que va de 0.09 Kg a 0.47 Kg, siempre significativo (Hazel y Terrill, 1946; Sidwell y Hazel, 1947; Price et al. , 1953; Wright y Stevens, 1953; todos citados por Turner, 1961; Turner, 1961; Brown et al. , 1966; Lax y Brown, 1967; ambos citados por Ponzoni, 1973; Gregory y Ponzoni, 1981) guarda relación con el valor de 0.48 Kg obtenido, en majadas nacionales, por Peñagaricano y Vacca (1990).

Sin embargo, en peso de vellón limpio los resultados son más contrastantes. Si bien, en todos los trabajos el peso de vellón limpio es más pesado en hijos de madres multiparas, no siempre el efecto resulta significativo. Tanto el trabajo de Turner (1961), como el de Price et al. (1953, citado por Turner, 1961) indican que, la diferencia va de 0.01 a 0.14 Kg, siendo en ambos casos significativas. Por el contrario, Gregory y Ponzoni (1981) no hallaron significancia en el efecto, a pesar de

que la diferencia fue de 0.053 Kg (valor superior al límite inferior sugerido anteriormente). Otro grupo de autores (Veseley et al., 1966; Terrill, 1946) que no encontraron significancia en este efecto fueron mencionados por Peñagaricano y Vacca (1996), y el rango de variación que encontraron fue de 0.07 a 0.077 Kg.

Efecto sobre el Peso del Cuerpo

Gregory y Ponzoni (1981) encontraron diferencias significativas entre madres de 2,3 y 4 años de edad con las madres de más de 5 años, siendo la diferencia promedio encontrada entre hijos de ovejas de 2 años de edad con las de más de 5 de 1.12 Kg.

Con respecto a la interacción de la edad de la madre con el año, Gregory y Ponzoni (1981) encontraron, que si bien existen variaciones en la magnitud de las diferencias, éstas no son significativas para ninguna de las tres características a las que se hizo mención. Y agregan, que las estimaciones del efecto pueden estar sesgadas por el hecho de que las madres jóvenes son el resultado de un mayor número de años de selección que las ovejas adultas.

Turner (1961) analizó el efecto conjunto de la edad de la madre con el del tipo de nacimiento, concluyendo que la no consideración de éstos, podría llevar a refugar en mayor proporción animales mellizos hijos de borregas dos dientes. Sostiene que esta medida trae consecuencias no solo desde el punto de vista productivo sino también en la selección, debido a que el diferencial de selección y el progreso logrado serán menor.

Finalmente, Turner (1961) determinó que borregas de mayor peso vivo, logran reducir las diferencias en peso de vellón y corporal de sus hijos con respecto a la progenie de madres adultas, mencionando entonces, que asegurar una buena alimentación a las borregas permitiría acortar las diferencias.

2.4.1.1.3.- Fecha de Nacimiento

Ponzoni (1973) adjudica este efecto al hecho de que las pariciones ocurren durante un período de 6 a 8 semanas, lo cual puede introducir variación entre los animales debido a que las mediciones se realizan en un mismo momento en todos los animales.

Los resultados muestran diferencias, en el grado de significancia, según la edad a la que se registran las mediciones. La mayoría de los autores coincide en que si las mediciones se realizan a partir de los dos dientes, las diferencias en fecha de nacimiento tanto en peso de vellón como corporal, no justifican la corrección por este efecto, dentro de un período de parición razonable, que podría ser de 6 semanas (Young et al., 1965; Mullaney y Brown, 1967; Stevenson, 1968; citados todos por Ponzoni, 1981).

Mientras tanto, este efecto cobraría importancia, según lo acotado por Young et al. (1965, citado por Ponzoni, 1981) cuando la selección se realiza a una edad más temprana, entre 5 y 6 meses. Lax y Brown (1967, citados por Ponzoni, 1981) obtuvieron diferencias significativas del orden 2 y 3% en peso de vellón, y del 2 al 4.5% en peso del cuerpo, entre animales nacidos al principio y al final del período, el cual se extendió a 20 días. Por su parte, a nivel nacional, Peñagaricano y Vacca (1990) y Ducassou y Maisterra (1996) hallaron diferencias significativas en peso de vellón sucio, medido como borrego, entre animales nacidos al principio y al final del período de parición. Para los primeros la diferencia fue de 0.90 Kg en un período de 70 días, mientras que para los segundos tanto la diferencia encontrada, como el período considerado fueron algo menores (0.48 Kg en 51 días).

En función de sus resultados, Peñagaricano y Vacca (1990) consideran que el efecto debe ser tenido en cuenta, como forma de evitar subestimar el valor genético de animales nacidos hacia el final del período de parición. Como alternativa, mencionan la instrumentación de pariciones más cortas, y citan las recomendaciones planteadas por Warmington y Beatson (1986), quienes sugieren regresar en el modelo el peso de vellón en el peso vivo, lo cual tiende a disminuir su significancia, o agrupar los nacimientos en rangos de 5, 10 o 15 días durante la parición, principalmente cuando la fecha de nacimiento es difícil de obtener.

2.4.1.1.4.- Sexo del animal

Son numerosos los trabajos que muestran diferencias significativas, en características productivas, entre machos y hembras.

Para el peso de vellón sucio el rango de variación encontrado va de 0.31 Kg a 1.06 Kg a favor de los machos (Ducassou y Maisterra, 1996; Gregory y Ponzoni, 1981, respectivamente), mientras que en peso de vellón limpio la magnitud de las diferencias disminuye a 0.173 Kg y 0.48 Kg.

Referente al diámetro de fibra, los autores antes mencionados, encontraron que los machos presentan vellones significativamente más gruesos que las hembras, desde 0.31 micras en el trabajo de Ducassou y Maisterra (1996) a 0.62 micras en el de Gregory y Ponzoni (1981).

En cuanto al peso del cuerpo, Gregory y Ponzoni (1981) estimaron diferencias de 15 Kg a favor de los machos, cuando éstos eran pesados entre los 15 y 18 meses de edad. Por su parte, Ducassou y Maisterra (1996), determinaron diferencias de menor magnitud, si bien también resultaron significativas, ubicándose en el orden de 7 Kg medidos a la esquila.

En ambos trabajos los machos se mantuvieron enteros, lo que obligó al manejo de lotes de machos y hembras separados. Esto podría llevar a confundir, según lo expuesto por Gregory y Ponzoni (1981), el efecto sexo, con el del lote.

2.4.1.1.5.- Consecuencias de no corregir por los efectos ambientales sistemáticos

El Diferencial de Selección, definido por Cardellino y Rovira (1987) como la diferencia entre el promedio fenotípico de los animales seleccionados con respecto al promedio de la población original, constituye uno de los determinantes del progreso genético logrado. Este está directamente relacionado a la intensidad de selección que pueda aplicarse y a la varianza fenotípica de la población.

Peñagaricano y Vacca (1990) calcularon dos diferenciales de selección para machos, según se consideraban registros de peso de vellón sucio corregidos o sin corregir, como forma de cuantificar la pérdida en ganancia obtenida. Los factores ambientales considerados fueron edad de la madre, tipo de nacimiento y fecha de nacimiento. Para los datos utilizados, en un período de cinco años se perderían 0.18 Kg en el diferencial de selección de machos, lo cual representa un porcentaje considerable del promedio de la población.

El Cuadro N° 7, muestra el rango de variación encontrado en las principales características productivas según el efecto ambiental considerado.

Cuadro N° 7 - Efectos Ambientales Sistemáticos

EFEECTO	CARACTERISTICA	RANGO
Tipo de Nacimiento	PV	0.05 – 0.64 Kg
	DF	0.51 – 0.92 μ
	PC: PN	0.69 – 1.10 Kg
	PD	0.63 – 2.60 Kg
	PE	1.00 – 2.09 Kg
Edad de la Madre	PVS	0.09 – 0.48 Kg
	PVL	0.01 – 0.14 Kg
	PC	1.12 Kg
Fecha de Nacimiento	PV	0.48 – 0.90 Kg
		2.00 – 3.00 %
	PC	2.00 – 4.50%
Sexo	PVS	0.31 – 1.06 Kg
	PVL	1.73 – 0.48 Kg
	DF	0.31 – 0.62 μ
	PC	7.00 – 15.0 Kg

Fuente: Turner, 1961; Ponzoni, 1973; Gregory y Ponzoni, 1981; Peñagaricano y Vacca, 1990; Bado y Urrutía, 1991; Ducassou y Maisterra, 1996.

2.4.2.- Componente Genético del Modelo Básico

Mao (1984) sugiere que para la obtención de mejora genética en generaciones futuras, vía reemplazos del rodeo, es necesario realizar una división aun mayor del modelo. El componente genético constituye la fracción heredable de la ecuación, pero solamente una parte de éste. Para las características cuantitativas muchos genes son

responsables de su potencial de producción, y la acción de los mismos determinan el valor de cría del individuo. Un animal con una gran proporción de genes benéficos tendrá en consecuencia un alto valor de cría para ese carácter. Entonces, Mao (1984) concluye que la diferencia entre los valores de cría de los individuos es debida a las distintas frecuencias génicas que posean los mismos para esa característica.

La progenie está determinada genéticamente por la combinación, en forma aditiva, de la mitad de los genes de cada uno de sus padres, pero la combinación de los mismos y sus interacciones son propias del individuo y no se transmiten a su descendencia. Mao (1984), realiza la distinción entre componente genético transmisible (G_t) y componente genético no transmisible (G_{nt}), el primero se corresponde con el efecto genético aditivo (G_A), definido así por Cardellino y Rovira (1987), mientras que el segundo comprende los efectos de dominancia y epistasis (G_D y G_I).

Este modelo descrito por Mao correspondería a un "*Modelo Verdadero*", en donde la totalidad de los factores genéticos y ambientales que dan lugar a un determinado registro son considerados (Jurado y Carabaño, 1995). Como éstos no se conocen en su totalidad, existen los denominados "Modelos Ideales", que incluyen algunos de los efectos conocidos considerados como más importantes, para finalmente llegar a los denominados "Modelos Operacionales", definidos así por Gianola (1991), donde son considerados aquellos efectos medibles y conocidos. Este modelo es aquel que efectivamente se utilizará para el análisis de los datos, y cuya menor o mayor similitud con el modelo ideal está estrechamente relacionada a la información disponible.

2.4.2.1.- Modelos Operacionales

En general, los modelos biológicos son de tipo estadístico, en donde se procura hacer la mejor interpretación de la realidad. Estos incluyen el término del error, agrupando todos los efectos que no son explicitados en el modelo.

Henderson (1973) analizó las consecuencias de no incluir en el modelo la totalidad de los efectos, en términos de sesgo y varianza del error de predicción, concluyendo que en la medida que se incluye una cantidad mayor de efectos, aumenta la complejidad del análisis, debiéndose buscar una adecuada relación entre el sesgo y la varianza y la complejidad. A su vez, el volumen de información disponible sobre el cual basar las decisiones de selección, torna a la evaluación genética, según Carriquiry (1991) en un desafío desde el punto de vista computacional.

La evolución que ha ocurrido en los modelos operacionales utilizados en evaluación genética, ha estado directamente relacionada con la mejora en la capacidad computacional ocurrida en los últimos veinte años, que permite cada vez

más acercar dichos modelos a los verdaderos (Carriquiry, 1991; Jurado y Carabaño, 1995).

Actualmente se están utilizando modelos mixtos, definidos de esta manera por tener en cuenta tanto los efectos fijos como los aleatorios. Se consideran efectos fijos, a los ambientales sistemáticos y al efecto rodeo-año-estación, mientras que el efecto genético y el error son considerados aleatorios (Alenda y Béjar, 1995).

Los modelos mixtos han ido evolucionando en función de quien brinda la información para estimar el componente genético del modelo. En una primer instancia, Henderson (1973) desarrolló el Modelo Padre, un año después le incluyó el efecto del grupo genético. Posteriormente se le agregó información de parentesco, para culminar en el año 1980, con el Modelo Animal (Quass y Pollack, 1980).

Hoy en día las evaluaciones genéticas se llevan a cabo aplicando, básicamente el Modelo Padre y el Modelo Animal (Carabaño y Díaz, 1995).

2.4.2.2.- Modelo Padre

En este modelo el valor fenotípico se expresa como función de la suma de los efectos ambientales y de la mitad del valor genético del padre del animal que produce la observación, por lo tanto solo permite evaluar a los padres.

Jurado y Díaz (1995), al igual que Jurado y Carabaño (1995) hacen mención a algunos supuestos que realiza este modelo propios del diseño del mismo, y que en general se alejan de lo que sucede. Los mismos son:

- * ignora la contribución materna al genotipo de su progenie, por lo tanto no tiene en cuenta los apareamientos dirigidos, ni la selección existente en hembras.
- * supone que los machos son una muestra al azar de una población estática y, en consecuencia no están emparentados.
- * de la misma forma, considera que las hembras no tienen parentesco entre sí ni con los machos.
- * supone que la descendencia de un carnero está compuesta estrictamente por medio hermanos paternos, descartando la posibilidad de que sean hermanos enteros.
- * considera, además, que la descendencia de un macho no está relacionada con la de ningún otro de la población.
- * asume que no existe selección ni consanguinidad, lo que implica que la media y las

varianzas de la población no se modifican.

2.4.2.3.- Modelo Animal

El valor fenotípico, para este modelo, es función de la suma de los efectos ambientales más el efecto genético del individuo que produce la observación. Se considera que este modelo se acerca más al verdadero, ya que interpreta de una manera más real los procesos biológicos.

Carabaño y Díaz (1995) sostienen que en ese intento de adecuar el modelo operacional al proceso biológico, se han ido planteando diversas variantes al mismo, las cuales no son excluyentes unas de otras. Algunas aumentan el número de registros del individuo (modelo animal con medidas repetidas), otras agregan información de parientes (modelo animal con efecto materno), y otras aumentan el número de caracteres considerados (modelo animal multicarácter).

Las ventajas de este modelo radican en:

- * combina toda la información fenotípica y de parentesco, tanto por vía paterna como materna.
- * considera que los apareamientos no son normalmente al azar
- * tiene en cuenta el proceso de selección y consanguinidad de la población, lo que permite una comparación más equitativa de individuos.
- * evalúa simultáneamente machos y hembras.

Un aspecto que no debe descuidarse con el uso de este modelo, es el citado por Smith (1988), quien sostiene que el uso de toda la información de parentesco, puede conducir a la selección de un mayor número de animales de aquellas familias identificadas como "mejores". Esto lleva a seleccionar dentro de un pequeño grupo de familias, y no dentro de toda la población, lo cual aumenta la consanguinidad. Este aumento reduce la variación genética, y por lo tanto la respuesta a la selección, aspecto que se agrava en poblaciones pequeñas. A su vez, la reducción de la varianza genética lleva, en la práctica, a una variación en la relación de sexos y en el tamaño, tasa de sobrevivencia y fertilidad de las diferentes familias, afectando la intensidad de selección.

Henderson (1973), refiriéndose al modelo animal agrega que en la actualidad existen algoritmos y conocimiento básico suficiente para incluir efectos no aditivos y varianzas heterogéneas en el análisis del mismo. Quass y Pollack (1980, citados por Jurado y Carabaño, 1989), por su parte, hacen mención a la existencia de un modelo alternativo, llamado Modelo Animal Reducido (RAM), cuya única ventaja es desde el

punto de vista computacional, ya que no aporta nada nuevo a la teoría general del modelo. El sistema de ecuaciones a resolver es más reducido incluyendo solo a los reproductores, pero tiene en cuenta la información de la descendencia. Por otro lado, las evaluaciones de la descendencia se obtienen una a una y no simultáneamente, lo que resuelve la limitante computacional ocasionada por el número de descendientes utilizado.

Con la aplicación del modelo animal se generan: una ecuación por cada nivel de factor fijo que se incluya; una ecuación por cada individuo con dato propio; y una ecuación por cada progenitor sin dato, pero con descendientes que si lo tienen.

2.5.- ELECCION DE UN METODO DE PREDICCION DEL VALOR DE CRIA

Una vez definido el modelo a aplicar el problema a resolver es llegar a conocer el valor genético de los animales. Para ello se busca un predictor de los efectos aleatorios o genéticos, que posea determinadas características estadísticas, buena precisión y el menor sesgo posible. Como fue mencionado anteriormente, se logrará una mejor predicción del mérito genético de un animal en la medida que se utilice un modelo más completo, en cuanto a los efectos que incluya, pudiéndose lograr de este modo un mayor progreso genético (Alenda y Béjar, 1995).

El objetivo es ranquear animales por su verdadero valor de cría, pero no se puede tener un conocimiento preciso sobre el mismo, ya que los genes y los valores de cría no pueden verse. Por ello, se utilizan valores fenotípicos observados para obtener estimaciones de los valores de cría, aceptándose una tasa de respuesta a la selección más lenta. Las estimaciones pueden basarse en registros propios del individuo (uno o varios), en información obtenida de sus parientes (padres, colaterales, progeñe con uno o varios registros), o mediante una combinación de las fuentes antes mencionadas, lo cual es posible debido al estado actual de la técnica de evaluación y del poder de las computadoras (Pollack, 1984). Carriquiry (1991) considera que la mayoría de la metodología moderna existente en el área del mejoramiento genético animal se basa en el trabajo de Pearson (1903).

El conocimiento que se tenga de la población formada por los animales candidatos a ser seleccionados, es determinante del método de predicción factible de aplicar (Henderson, 1973). En este sentido el autor distingue:

- 1) BP- Mejor Predictor: asume que se conocen todos los parámetros de la población, la media, varianza, covarianza y distribución de los registros fenotípicos y de los valores de cría.
- 2) BLP- Mejor Predictor Lineal: igual al anterior pero no requiere conocer las distribuciones de los registros y valores de cría a ser estimados.

- 3) BLUP- Mejor Predictor Lineal Inssegado: no requiere del conocimiento de las medias fenotípicas y de los valores de cría.
- 4) Métodos Bayesianos: desconoce todos los parámetros poblacionales. Estos métodos están siendo de aplicación reciente.

A continuación se describen las principales características del BLP, BLUP, por ser las metodologías más utilizadas en la actualidad en las evaluaciones genéticas.

2.5.1.- BLP (Mejor Predictor Lineal)

Alenda y Béjar (1995), definen a éste como el mejor predictor del valor aditivo cuando se conocen con exactitud los factores ambientales, de manera de poder cuantificarlos y así corregir los datos, por medio del uso de factores de corrección, para dejarlos libres de dichos efectos.

El BLP es, entonces, un predictor de los efectos aleatorios, la que se le han impuesto dos condiciones. La primera, es que la relación entre los valores genéticos predichos y los fenotípicos sea lineal (L). La segunda, es que el error cuadrático medio sea mínimo, lo que le daría la condición de "mejor" entre los predictores lineales (B).

Los **Índices de Selección** propuestos por Smith (1936) y Hazel (1943), son un caso particular de BLP, y por lo tanto se basan en los mismos supuestos que éste. A su vez, también asumen: - todos los candidatos a la selección tienen el mismo volumen de información; - no existe correlación de los valores de cría y los registros entre cualquier par de animales; y - la selección es por truncación.

Los índices constituyen una regresión múltiple, en la que se condensa información de diferentes fuentes y caracteres en un solo valor para cada individuo. Cada fuente de información es multiplicada por un coeficiente de regresión, los cuales se estiman en función de la fuente utilizada.

El primer paso para la elaboración de los mismos consiste en la definición formal de los objetivos de selección, conformando el Valor de Cría Agregado (H), anteriormente descrito. Una vez obtenido el objetivo, se realiza la estimación del índice (I), el cual representa un estimador del valor de cría agregado. El índice se expresa matemáticamente:

$$I = b_1 P_1 + b_2 P_2 + \dots + b_n P_n$$

siendo: b_n = coeficientes parciales, (peso relativo de la información)
 P_n = medidas fenotípicas.

Otra aplicación de los índices, mencionada por Alenda y Béjar (1995), es la evaluación por varios caracteres conjuntamente. Para ello, se establece un agregado económico en el que cada carácter es ponderado por un valor económico relativo.

Los coeficientes de regresión "b" se calculan de tal forma de maximizar la correlación entre la ecuación de objetivo (H) y la del índice (I), para lo cual se necesita conocer:

- * la varianza fenotípica y genética de cada característica, o bien una de ellas y la heredabilidad, ya que la varianza aditiva es función directa de la heredabilidad y la varianza fenotípica.
- * la covarianza fenotípica y aditiva entre los caracteres, que definen las correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales entre las características del índice (criterios), y las consideradas como objetivo.
- * los valores económicos relativos a cada una de las características.

El cálculo de los coeficientes se realiza a través de un sistema de ecuaciones complejo, que actualmente se resuelven por medio del álgebra matricial (Cardellino y Rovira, 1987).

Si se suponen las siguientes ecuaciones de objetivo e índice:

$$\begin{aligned} H &= a_1 \cdot A_1 + a_2 \cdot A_2 + \dots & 1, 2 \text{ son objetivos de selección} \\ I &= b_x \cdot P_x + b_y \cdot P_y + \dots & x, y \text{ son criterios de selección} \end{aligned}$$

el valor de "b" que maximiza la correlación entre H e I (r_{HI}) se obtiene cuando se cumplen las dos ecuaciones siguientes, según lo sugerido por Schneeberger (1991):

$$b_x \cdot VP_x + b_y \cdot \text{Cov } P_x P_y = a_1 \cdot \text{Cov } P_x A_1 + a_2 \cdot \text{Cov } P_x A_2$$

$$b_x \cdot \text{Cov } P_x P_y + b_y \cdot VP_y = a_1 \cdot \text{Cov } P_y A_1 + a_2 \cdot \text{Cov } P_y A_2$$

expresado en forma de matrices, sería: $Pb = Ga$

$$\begin{matrix} & P & & b & = & & G & & a \\ & P_x & & P_y & & & A_1 & & A_2 \\ P_x & \left[\begin{array}{cc} VP_x & \text{Cov } P_{xy} \end{array} \right] & \left[\begin{array}{c} b_x \\ b_y \end{array} \right] & = & P_x & \left[\begin{array}{cc} \text{Cov } P_x A_1 & \text{Cov } P_x A_2 \end{array} \right] & \left[\begin{array}{c} a_1 \\ a_2 \end{array} \right] \\ P_y & \left[\begin{array}{cc} \text{Cov } P_{yx} & VP_y \end{array} \right] & & & P_y & \left[\begin{array}{cc} \text{Cov } P_y A_1 & \text{Cov } P_y A_2 \end{array} \right] & \end{matrix}$$

Notése que si el Criterio x es igual al Objetivo 1, entonces:

$$\text{Cov } P_X A_1 = \text{Cov } P_1 A_1 = V A_1$$

Por su parte, como $Pb = Ga$ tenemos que $b = P^{-1} Ga$

La estimación de estos valores se vuelve más compleja cuando los caracteres incluidos en el índice son diferentes de los del objetivo. Atkins y Casey (1994), sugieren que los caracteres registrados, la edad a la que los mismos pueden ser medidos, el uso de ajustes ambientales (efectos maternos), y la inclusión de información de los parientes, pueden todos influenciar la correlación entre el índice y el objetivo.

Cardellino y Rovira (1987), realizaron una serie de comentarios sobre las limitantes de los índices de selección:

- * supone que los valores económicos se conocen sin error, y deben ser revisados periódicamente.
- * supone que los parámetros se conocen relativamente bien, y que pertenecen a la población en estudio o por los menos corresponden a estimaciones nacionales.
- * presenta costos para conseguir la información y procesarla.
- * obliga a definir objetivos, lo que tiene implícito un análisis profundo de la especie y sus sistemas de producción.

Por su parte, Henderson (1973) menciona algunos defectos serios de esta metodología, que la han hecho insostenible. En general, los animales que se utilizan están relacionados entre sí, y no tienen igual volumen de información, generándose sesgo en las estimaciones. No maneja correctamente grandes números de subclases y datos muy desbalanceados, construyéndose con un subconjunto de seleccionado de registros del animal.

Las varianzas y covarianzas requeridas suelen ser desconocidas.

Un problema aun más serio es el hecho de que supone los efectos fijos conocidos, cuando en la práctica éstos se estiman y se corrigen, y son esos nuevos valores los tomados como verdaderos valor del parámetro.

Finalmente, y no por eso menos importante, presenta dificultad para considerar el nivel genético del grupo contemporáneo, y solo permite comparar individuos dentro de grupos, y no entre grupos.

No tiene en cuenta los efectos de la selección y supone que los animales son totalmente comparables.

2.5.2.- BLUP (Mejor Predictor Lineal Insesgado)

En las estimaciones de tipo BLP, se asume que los animales pertenecen al mismo grupo ambiental y que por lo tanto, las diferencias fenotípicas entre animales son debidas a las diferencias genéticas entre éstos; y no a una combinación de diferencias genéticas y ambientales (Cameron, 1997).

Sin embargo, Alenda y Béjar (1995) consideran que someter a todos los animales al mismo manejo y alimentación, o conocer la influencia de los mismos para corregir los datos productivos, es una tarea difícil en producción animal. La solución al problema se basa en estimar y predecir simultáneamente los condicionantes ambientales y el potencial genético de los animales. La resolución simultánea de los efectos no genéticos y genéticos, basándose en la aplicación de modelos lineales mixtos, fue descrita por Henderson en 1949 y 1973, y se conoce como *metodología del modelo mixto* o valoración BLUP.

Esta técnica de predicción, tiene una serie de propiedades que están implícitas en su nombre, y Cameron (1997), las detalla como:

Mejor (B): minimiza la varianza de estimadores respecto al valor genético real.
 Predictor (P): maximiza la correlación entre el valor real y el predicho.
 Lineal (L): el valor de cría predicho es función lineal de las observaciones.
 Insesgado (U): la diferencia entre el valor real y el estimado es aproximadamente igual a cero.

Si bien esta técnica parte del supuesto que se conocen las varianzas y covarianzas genéticas y fenotípicas, Carriquiry (1991) plantea que en su aplicación se utilizan estimaciones de las mismas, obtenidas generalmente usando el método REML (Máxima Verosimilitud Restringida). Dichas estimaciones son finalmente utilizadas para resolver las ecuaciones de modelos mixtos.

Harville y Carriquiry (1991, citados por Carriquiry, 1991) sostienen que a pesar de que el uso de los valores estimados en lugar de los verdaderos ocasiona algunos problemas formales desde el punto de vista estadístico, si los componentes de varianza se estiman en forma precisa, las evaluaciones obtenidas son, en la práctica, confiables. Contrariamente, Jurado y Carabaño (1989), consideran que pequeñas imprecisiones en las estimaciones pueden traducirse en errores de magnitud considerable en las evaluaciones genéticas finales.

Esta técnica utiliza estimadores de los efectos ambientales con propiedades BLUE, (Mejor Estimador Lineal Insesgado), siendo entonces, insesgados, con un error cuadrático medio mínimo. Estas propiedades estadísticas de los estimadores de efectos fijos, marcan la superioridad de este método frente al BLP.

Otra clara ventaja que presenta esta metodología es la de brindar la posibilidad de incluir en el sistema de ecuaciones a la llamada *Matriz de Parentesco*, la cual contiene toda la información disponible sobre el parentesco entre animales a ser evaluados, padres, madres y progenie, maximizando así el uso de la información disponible (Alenda y Béjar, 1995). Para resolver las ecuaciones de los modelos mixtos y obtener BLUPs de los valores de cría de los animales, se necesita la inversa de la matriz de parentesco. Invertir dicha matriz es muy trabajoso, por lo que Henderson (1976) descubrió una manera rápida de calcular directamente la inversa.

La inclusión de esta información, permite conocer la genealogía por vía materna, lo que a su vez, posibilita tener en cuenta, los apareamientos dirigidos, y los cambios en la media y varianzas genéticas producto de los procesos de selección y consanguinidad.

Adicionalmente, el uso del parentesco permite obtener evaluaciones de individuos que carecen de registros productivos propios, a partir de la información genealógica. Posibilita, además evaluaciones dentro de rodeos y entre rodeos.

Estas ventajas prácticas de la metodología BLUP, están estrechamente relacionadas al modelo definido, por lo que sus propiedades óptimas solo son válidas bajo el supuesto de que el modelo en que se basan las valoraciones es verdadero (Alenda y Béjar, 1995; Cameron, 1997).

Groenveld et al. (1990, citados por Carabaño y Díaz, 1995) resaltan la flexibilidad de este procedimiento para ajustarse a los distintos esquemas de selección, y la existencia de paquetes informáticos que permiten la utilización del BLUP con grandes masas de datos, lo que ha permitido el desarrollo de sistemas nacionales de evaluación, que abarcan un elevado porcentaje de individuos de diferentes razas.

Sin embargo, la metodología BLUP presenta algunas desventajas prácticas, citadas por Carabaño y Alenda (1990):

- * puede favorecer un incremento en los niveles de consanguinidad de la población, debido a que aquellos animales usados como padres (aparecen como mejores por contar con mayor información de parentesco), tienen más posibilidad de estar emparentados (Toro et al., 1988; Wray, 1989).
- * la dificultad que presenta implementar la toma de registros productivos y genealógicos en las condiciones extensivas en que mayormente se realiza la producción, por lo que no siempre es posible lograr la identificación del padre debido a los apareamientos colectivos.
- * específicamente en ovinos, existe el problema del uso limitado de la inseminación artificial, porque las técnicas de congelación de semen no están completamente desarrolladas, y porque es difícil la aplicación práctica de la técnica en condiciones extensivas.

- * el trabajo con características discretas y combinación de discretas con continuas, que requiere de la aplicación de técnicas de evaluación más complejas.

Una regla general que se cumple, es que a más información mayor es la precisión obtenida en las estimaciones del valor de cría, independientemente del método de estimación empleado.

2.6.- ESQUEMAS DE SELECCION

Los esquemas de selección nacionales son aquellos que realizan la evaluación de animales pertenecientes a diferentes rodeos, considerando, a su vez, las diferencias entre lotes y años, permitiendo, por lo tanto, la comparación genética de los rodeos. Cardellino (1994) menciona que tradicionalmente los servicios de registros de comportamiento de ovinos para lana han efectuado evaluaciones genéticas de animales (carneros principalmente) dentro de cada cabaña, y dentro de un grupo contemporáneo. En las comparaciones entre cabañas o entre años, el mérito genético queda confundido con las inevitables diferencias ambientales entre cabañas y años (Cardellino, 1994).

Como alternativa para "limpiar" los valores de cría de los individuos de los efectos ambientales, surgen las denominadas *Centrales de Prueba* y el uso de los *Carneros de Referencia*.

2.6.1.- Centrales de Prueba

El origen de las Centrales de Prueba se remonta a principios de siglo, surgiendo las estaciones o núcleos de testaje. El objetivo de las mismas, según Alenda y Béjar (1995), es poder comparar animales en las mismas circunstancias ambientales, de manera que las diferencias fenotípicas puedan ser interpretadas como genéticas.

Las Centrales de Prueba permiten, a su vez, la comparación de animales de diferentes cabañas y en distintos años. Ponzoni (1973), resalta el hecho de que este tipo de esquemas no sustituyen a los que realizan comparaciones intra rodeo, basados en pruebas de comportamiento, sino que por el contrario los complementan.

En los núcleos de testaje se evalúa un grupo de carneros por medio de una Prueba de Progenie. Los carneros son apareados con ovejas al azar, lo que asegura homogeneidad en términos genéticos (Cardellino, 1994). La progenie de los carneros probados, sin refugo previo, se cría en las mismas condiciones hasta la esquila del primer vellón, momento en el cual se registran todas las características productivas de importancia (peso de vellón, peso corporal, diámetro de fibra, largo de mecha, finura, carácter, toque y color de la lana). La toma de datos en una misma época del año

permite, según lo planteado por MacLeod (1992), un mayor control del cumplimiento de los procedimientos adecuados que permiten la obtención de resultados confiables.

El valor de cría de los carneros es estimado a partir de producción de los hijos del individuo, medida como desvío de la población, ponderada por el número de hijos y la heredabilidad de la característica. Para obtener una exactitud de media a alta en la predicción del mérito genético de un padre, Cardellino (1994) sugiere que es necesario que éste tenga más de 20 hijos, lo que implica que debe balancearse el número de carneros con el de ovejas, lo cual no siempre es posible por la capacidad pequeña de las centrales.

Por su parte, los resultados obtenidos, en un año dado, no compara cabañas, sino solo los carneros que participan. Las cabañas pueden tener otros carneros, con mérito genético diferente a los que entraron en la prueba de progenie.

Actualmente, en nuestro país, como se mencionó en un principio, están en funcionamiento seis Centrales de Prueba: una para la raza Merilín, dos para Corriedale, dos para Merino y una para Ideal. Las mismas se iniciaron en el año 1994 para las razas Merilín y Corriedale, la raza Merino se incorporó en el año 1995, y finalmente en el año 1997 se puso en funcionamiento la primer Central de Prueba de la raza Ideal.

El trabajo que viene realizando el S.U.L. conjuntamente con los cabañeros, apunta a que se logre la participación en las centrales, de los mejores carneros disponibles de cada cabaña. Las centrales permitirían, a su vez, evaluar material genético importado, lo cual se está realizando recientemente en alguna de las centrales, con carneros australianos y neozelandeses (Cardellino, 1997).

2.6.2.- Carneros de Referencia

Este método de selección surge, debido a la limitante que tienen las Centrales de Prueba, en el número de carneros que pueden probar. En este caso, las pruebas de progenie se realizan en cada establecimiento, y los resultados se pueden conectar con los de otras cabañas, mediante el uso de Carneros de Referencia. Por lo menos uno de los carneros utilizados en una prueba debe ser usado en otra, logrando así, una comparación simultánea de todos los carneros (Cardellino, 1994).

MacLeod (1992), menciona las ventajas más importantes que brinda el uso de Carneros de Referencia con respecto a las Centrales de Prueba:

- * cada criador puede examinar un mayor número de carneros porque los costos por carnero son menores;
- * teóricamente no hay límite en el número de establecimientos que pueden participar y, por lo tanto, el número de carneros que se comparan;

- * permiten un mayor progreso genético, si se logra que el manejo y la toma de registros se lleve a cabo en forma adecuada, ya que aumentan la proporción de animales evaluados.

Sin embargo, este método presenta una desventaja importante, citada por MacLeod (1992), que radica en el hecho de que es más difícil controlar el cumplimiento de los procedimientos adecuados, debido a que los criadores adoptan diferentes medidas de manejo, a que la información puede ser generada en diferentes épocas del año, causando de esta forma diferencias en los datos registrados que resultan en demoras en el procesamiento de los datos.

El uso de este método no se ha generalizado, según lo sugerido por MacLeod (1992), ya que el criador que tiene una majada "cerrada" quizás no desee utilizar carneros nacidos fuera de su propia majada, y además le resulta una opción costosa desde el punto de vista de las ovejas requeridas, así como del mantenimiento y evaluación de la progenie. Esta situación se agrava porque se recomienda que cada criador utilice dos o más carneros de referencia para lograr la vinculación genética deseada entre cabañas.

En el Uruguay, se está comenzando a plantear, por parte de técnicos del S.U.L., la alternativa de desarrollar un esquema que utilice Carneros de Referencia, y se ha encontrado buena receptividad por parte de los planteles (Roberto Cardellino, Avances tecnológicos en producción ovina y vacuna, Paysandú, 1997).

Ambos esquemas (Centrales de Prueba y Carneros de Referencia) utilizan a la Prueba de Progenie como método de estimación, lo que provoca costo en el tiempo de recolección de los resultados, el cual puede variar según la característica a evaluar (Cardellino, 1994).

2.6.3.- Flock Testing

El servicio de Flock Testing, iniciado en el país en el año 1969, por parte del S.U.L., desde sus comienzos, tuvo un crecimiento sostenido tanto en número de cabañas como de animales testados, estabilizándose en los últimos años en una cifra en torno a 180 planteles con 16000 borregos probados, lo cual significa a nivel nacional un 18% del total de planteles del país y aproximadamente un 20% de los carneros producidos (Cardellino, 1992).

El sistema de toma de registros se lleva a cabo en reproductores machos, a una edad entre 15 y 18 meses. Los registros son recabados, en una primer instancia, en el galpón, y posteriormente en el laboratorio (Capurro, 1986). Vale acotar que las muestras enviadas a analizar al laboratorio representan una parte del total, correspondiendo a la de aquellos animales que dieron mayores pesos de vellón sucio. Esto reduce el número de animales testados así como produce sesgo en los

resultados.

Es común en las cabañas de nuestro país que se realicen refugos previos de animales, testándose solamente una parte del total los borregos. Los animales que se envían a evaluación cumplen con las características necesarias para recibir el tatuaje de Mejoramiento Ovino (MO). Esta práctica, reduce, como bien lo explica Cardellino (1992), la posibilidad de evaluaciones precisas, y atienden a intereses que, por lo general, nada tienen que ver con la aptitud genética de los animales.

Desde sus inicios, y hasta el año 1985, el S.U.L., una vez procesados los datos, los presentaba como el registro fenotípico de un individuo para determinada característica, referido al promedio del lote al cual pertenecía, y se incluía el promedio de los hijos de cada padre utilizado. Estos resultados permitían al criador realizar selección a través del dato fenotípico, lo que presentaba como ventaja fundamental, la sencillez y facilidad de aplicación (Cardellino y Rovira, 1987). Los registros así obtenidos, otorgan a los resultados una serie de características:

- * solo evalúan una muestra sesgada de machos de cada cabaña (Cardellino, 1979)
- * solo permite comparar animales dentro del plantel, nacidos el mismo año, y criados en las mismas condiciones de manejo y alimentación (Capurro, 1986)
- * la información del promedio de cada padre tiene una utilidad relativa, ya que se debe tener en cuenta que los apareamientos no son al azar, que cada padre tiene diferente número de hijos únicos y mellizos, y que ese promedio debería basarse en por lo menos en 15 hijos testados, y sin haber realizado ningún refugo previo (Capurro, 1986).

A partir de 1985, se comienzan a usar en el Uruguay los índices de selección. El servicio de Flock Testing, comienza a brindar un Índice General, que incluye las características peso de vellón limpio, diámetro de fibra, y peso corporal.

Si bien este índice supera a los métodos existentes hasta ese momento, tiene limitaciones porque los registros que se incluyen no son previamente corregidos por los efectos ambientales.

2.7- ESTIMACION DEL PROGRESO GENETICO

La respuesta a la selección o Progreso Genético, es el cambio que se produce en la media poblacional de una determinada característica por haber aplicado un proceso de selección. Falconer (1981), lo define como la diferencia entre la media fenotípica de la progenie de los animales seleccionados y la media fenotípica de la totalidad de animales de esa generación.

En cuanto a la magnitud del mejoramiento genético logrado por generación (ΔG), el mismo autor sostiene que ésta es función de los siguientes factores:

$$\Delta G = r_{AC} \cdot i \cdot \sigma_a$$

donde ΔG = Progreso Genético

r_{AC} = Exactitud de la selección

i = Intensidad de selección

σ_a = Desvío genético-aditivo

Si el progreso se quiere cuantificar por año, entonces debemos dividir el progreso genético generacional entre el Intervalo Generacional (IG), definido como la edad promedio de los padres al momento de nacer sus hijos.

Esta es la expresión más general para calcular el progreso genético esperado y se aplica a cualquier tipo de selección (Cardellino y Rovira, 1987).

James (1987) hace referencia a la importancia de medir el Progreso Genético tanto a nivel experimental, como a nivel de cada cabaña individual. Desde el punto de vista experimental, a un investigador que lleva a cabo un programa de selección le interesa comparar la respuesta genética lograda con aquella predicha, para probar la validez de los supuestos que realizó al hacer sus predicciones; mientras que a un cabañero le interesa conocer los cambios que se han producido como consecuencia de aplicar determinado programa de selección, en un determinado período (ej. 10 años).

Como se hizo mención, la estimación del progreso o tendencia genética no constituye un paso dentro de un programa de selección, pero su importancia radica en que permite predecir el éxito o fracaso del programa implementado, ya que mide las ganancias genéticas logradas en un determinado período (James, 1987; Gianola, 1991). Esto permite que cada cabaña o establecimiento comercial revise sus decisiones de selección, como lo mencionan Atkins et al. (1986), y de esa manera analicen la importancia relativa que se le está dando a cada uno de los objetivos definidos, para en caso de ser necesario, replantearse los mismos.

Se pueden calcular diferentes tipos de tendencias según el valor genético medio se refiera, a un determinado grupo de individuos y se calcule teniendo en cuenta una u otra referencia de tiempo. La estimación del progreso genético obtenido con información de varias cabañas permite tener una medida directa de los beneficios económicos del esquema de selección como un todo (Atkins et al., 1986). A su vez, esto podría llevarse a un nivel más general, como lo sugiere James (1987), y medirse el impacto para una determinada raza a lo largo del tiempo.

2.7.1- Métodos de estimación del Progreso Genético

Cualquier método de estimación del progreso genético tiene como objetivo lograr la diferenciación de los cambios ambientales de aquellos genéticos (González, 1982).

El Progreso Genético puede ser estimado tanto a partir de *Experimentos Planeados* como de *Datos de Campo*. James (1987) se refiere a que ambos métodos difieren por su facilidad práctica, por el sesgo de las estimaciones obtenidas, y por la forma en que se ven afectados por los errores de muestreo.

2.7.1.1.- Experimentos planeados

Los mismos consisten en el diseño de un experimento específico para estimar el Progreso Genético logrado en un determinado período de tiempo. James (1987), los considera ventajosos desde el punto de vista de la precisión, ya que pueden ser realizados de forma de evitar sesgos. Adicionalmente pueden ser usados para analizar características de las cuales normalmente no se dispone de registros, ya que los datos son generados con ese fin.

En éstos, dado que en general son de dimensiones que permiten controlar mejor el manejo de los animales, es más factible incluir técnicas como el uso de semen congelado de cameros que fueron usados varios años antes, congelamiento de embriones, poblaciones control o semen congelado de líneas control (Hill, 1972 citado por Gayo y Muñoz, 1988; James, 1987).

Existen dos grupos de experimentos: a) Selección en Direcciones Opuestas en dos líneas contemporáneas y en un mismo ambiente; y b) métodos donde se replica el mismo grupo de genotipos en sucesivas generaciones de una población, y se compara con la población seleccionada, donde González (1982) incluye básicamente: el Uso Repetido de Cameros y las Poblaciones Control.

2.7.1.1.1.- Selección en direcciones opuestas

Este método de estimación consiste en mantener dos poblaciones bajo selección, una primera en donde se busca mejorar una característica determinada, y la segunda donde se realiza selección en dirección opuesta a la primera, es decir se va en contra del objetivo deseado. De esta manera, cada línea de selección actúa como un "control" de la otra. Si se asume que los efectos ambientales afectan de igual forma a las dos poblaciones, las diferencias entre ellas estiman el progreso genético debido al proceso de selección (Falconer, 1981).

González (1982) cita a diversos autores que utilizaron esta metodología en ovinos (Turner, 1969; Pattie et al, 1974; Turner, 1970; Dun et al, 1970) y concluye que su desventaja principal radica en que si la respuesta de las dos líneas no es simétrica, los resultados de esta metodología sin una población control, no están estimando realmente la magnitud de la respuesta en una dirección solamente.

2.7.1.1.2 - Poblaciones Control

Según James (1987) en los experimentos de selección, el método estándar para corregir las diferencias ambientales, es mantener una población control sin selección, y asumir que no existe ningún tipo de evolución genética en la misma. Para que esto suceda, las poblaciones control deben ser diseñadas de forma de minimizar cambios genéticos, producto de efectos de epistasia o depresión endogámica existente en algunas características. El progreso genético se obtiene, entonces, por diferencia entre la performance de la línea seleccionada y la línea control cada año (Cardellino, R., 1992).

El diseño de las poblaciones control debe tener en cuenta los cambios aleatorios de las frecuencias génicas, dados por la llamada deriva génica, ya que los mismos son inevitables. Su magnitud puede ser estimada como componente del error de estimación, y depende del número de animales que formen la población (a mayor número, ésta será menor), y más específicamente del número de padres. James (1987) sostiene que aumentar el número de ovejas por camero, así como el intervalo generacional (no reemplazando cameros antes de lo necesario) lleva a disminuir la magnitud del cambio.

Smith (1986) concluye que es necesario tener una población control para obtener estimaciones "inequívocas" de la respuesta a la selección directa e indirecta.

Contrariamente, y como es obvio, el uso de poblaciones control no es fácilmente aplicable a nivel de cabaña, como lo menciona James (1987), ya que si se logra un alto progreso genético, la población control será mucho menos productiva y se reducirá la eficiencia a nivel de empresa. El cabañero tendrá menos cameros para vender ya que los de la población control no serán deseables.

2.7.1.1.3 - Uso repetido de cameros

Este método se basa en el principio de que la performance promedio de la progenie de un padre, aceptando que éste se aparee al azar con un grupo de ovejas también escogidas al azar, difiere del promedio de la majada por un valor igual a la mitad del valor del padre (Cardellino, R., 1992). Entonces, si el desvío promedio de la progenie de un padre se mide en los sucesivos años, siempre con respecto al promedio de la población, la diferencia entre ambos se considera en el tiempo, y con muchos padres, se obtienen estimaciones de progreso genético, que no son muy precisas y que descansan en una serie de presuposiciones no siempre válidas (James, 1987; Cardellino, 1992). Las limitantes de este método fueron discutidas por Smith (1987):

- * mide el cambio genético debido solamente a los cameros, por lo tanto no necesariamente mide el cambio genético de la población.
- * asume que las ovejas son asignadas al azar a los cameros, lo cual no siempre es evidente. Si los cameros son apareados con las mejores ovejas, cuando son viejos el progreso genético estará subestimado.
- * debe tenerse cuidado en la selección, ya que si los cameros se seleccionan en base a

2.7.1.2.1- Regresión en el Número Generacional

Este método prácticamente no se utiliza desde la aparición de mejores métodos como el de los Modelos Mixtos. Se basa en la existencia de superposición de generaciones, en las que hay una diferencia entre los individuos en cuanto al número de generaciones de selección que los afecta (James, 1987).

Turner y Young (1969), proponen como método para estimar el progreso genético promedio por generación, la regresión de la performance en el número generacional. Este se calcula para cada individuo de la siguiente manera:

$$1/2 (\text{N}^\circ \text{ generacional del padre} + \text{N}^\circ \text{ generacional de la madre}) + 1$$

James (1987) menciona que las comparaciones se realizan dentro de cada majada para evitar las diferencias ambientales entre años, por lo que se requiere de una corrección previa por edad de la madre, ya que individuos con números generacionales más altos provienen en general de madres de menor edad. A esto González (1982) agrega la necesidad de corregir por tipo de nacimiento y cría.

Gregory y Ponzoni (1981a) utilizaron esta técnica para estimar el progreso genético en dos cabañas Merino, por un período de 14 años. Los resultados que obtuvieron les permitió inferir que es un método preciso desde el punto de vista del error estándar, pero lo atribuyen en parte al hecho de que en este caso particular, la variación en el número generacional de estas poblaciones no era demasiado elevada.

2.7.1.2.2 - Métodos biotecnológicos

Una técnica para medir el progreso genético es basada en el almacenamiento de semen y embriones. Cardellino (1992), menciona la posibilidad de almacenar semen de un grupo inicial de padres y utilizarlo al final de un período de selección. Los principios de la técnica son similares a los usados con el método de padres repetidos.

Otra técnica es el almacenamiento de embriones congelados obtenidos en una fase inicial de la descendencia de muchos padres. Transcurridos varios años de selección, se realiza la transferencia de dichos embriones lo que permite comparaciones que llevan a estimaciones del progreso genético logrado (Cardellino, 1992).

Smith (1988) analizó las ganancias genéticas posibles de lograr aplicando las nuevas técnicas reproductivas en vacunos de carne y ovinos. En peso de vellón menciona que se podrían lograr teóricamente respuestas genéticas anuales, expresadas como porcentaje de la media, de: 2.7 con reproducción normal; 4 usando un MOET adulto; y 5.6 usando un MOET juvenil.

2.7.1.2.3 -Métodos de Modelos Mixtos

A partir de la aparición de la metodología de Modelos Mixtos, propuesta por Henderson (1973), se abre un área nueva en la estimación de tendencias genéticas, ya que las estimaciones BLUP permiten la estimación de tendencias genéticas y ambientales utilizándose diferentes modelos sin la necesidad de un experimento, es decir usando datos reales.

La propuesta de Henderson (1973) fue:

$$\sum_i \sum_j n_{ijk} (\hat{g}_i + \hat{s}_{ij}) / n_{..k}$$

donde:

n_{ijk} = número de registros en el grupo i, del camero j y para el año k

$\hat{g}_i$ = estimación BLUE del grupo i

$\hat{s}_{ij}$ = estimación BLUP del camero j del grupo i

$n_{..k}$ = número total de registros del año k

González (1982) determinó que si la evaluación genética se lleva a cabo utilizando estimaciones BLUP de los valores de cría de los animales incluidos en el modelo, se puede usar el promedio de animales nacidos cada año como estimación de la tendencia genética, la cual puede ser graficada en función de los años y realizar lo mismo con el efecto ambiental del manejo de los rebaños dentro de cada año (Carabaño y Díaz, 1995). A su vez, Atkins (1986) agrega que en cabañas que dispongan de los datos de pedigrí completos, se puede usar el procedimiento BLUP, incorporando la matriz de parentesco, para generar por separado la tendencia genética de la ambiental, utilizando información sobre apareamientos repetidos, de colaterales y diferenciales de selección.

Van Wik et al (1994), realizaron un estudio en una cabaña Merino sudafricana para las características Peso del cuerpo, Peso de vellón limpio y Diámetro promedio de la fibra. Las tendencias se calcularon como la regresión en el año de nacimiento de los valores de cría promedio, y los cálculos se hicieron para dos períodos, diferenciados por los criterios de selección utilizados en la cabaña. Durante el primero, la selección se realizaba subjetivamente, y en el segundo, se basaba en las estimaciones BLUP de los valores de cría. En función de los resultados obtenidos los autores concluyeron que las estimaciones BLUP permiten aumentar el progreso genético en forma importante, a pesar de que se continúe realizando refugio por características visuales.

Esta metodología puede aplicarse utilizando un modelo padre, o un modelo animal. En el primero de los casos, se obtiene el valor genético de los padres, y se realizan promedios ponderándolos por el número de hijos de cada uno en los diferentes años. Aplicando el modelo animal se logra predecir el promedio genético de grupos de individuos nacidos en un determinado período, ya sean años o generaciones, para lo cual

certeza de que un estimador de máxima verosimilitud restringida cumpla con la propiedad de ser consistente cuando hay selección (Sorensen et al., 1994). Se han obtenido distribuciones aproximadas de los estimadores, por lo cual se debe pensar que las pruebas estadísticas que se realicen en los procesos de inferencia, son aproximadas.

En la actualidad se están aplicando métodos Bayesianos en experimentos de selección, que permitirían lograr mejores inferencias aunque las varianzas sean desconocidas (Sorensen et al, 1994).

La ecuación convencional de Falconer (1981) para estimar el progreso genético, es apropiada para una sola generación de selección. Cuando se pretenden comparar distintos esquemas de selección el objetivo es maximizar el progreso genético logrado a largo plazo, y en ese caso la ecuación estándar, antes mencionada, arroja estimaciones sesgadas.

La magnitud de dicho sesgo depende de la heredabilidad, de la precisión y de la intensidad de selección aplicada en cada esquema. En la medida que los animales son seleccionados con mayor precisión e intensidad el sesgo en la predicción del progreso genético será mayor (Gómez-Raya y Burnside, 1990).

2.7.2. - Diferencia entre la respuesta esperada y lograda

La diferencia en la respuesta lograda, con respecto a la esperada, está dada entonces, por la no consideración del efecto de selección, lo que se agrava por problemas prácticos que llevan a que los parámetros utilizados en la estimación no sean los que realmente están afectando la respuesta lograda, como fue discutido anteriormente en el análisis de las distintas metodologías de estimación de tendencias genéticas. Algunas de las principales causas de la diferencia lograda fueron enumeradas por Smith (1988), y las mismas son:

- * el modelo genético utilizado en la predicción de la tasa de respuesta puede no ser el más adecuado. Cuando se trabaja con datos reales, se asume que el modelo elegido es correcto, pero sin embargo, no siempre se dispone de la información necesaria para lograrlo.
- * en la práctica, habrá diferentes tamaños de familia y relaciones entre sexos, así como diferencias en los porcentajes de fertilidad y de sobrevivencia que afectarán la intensidad de selección y la precisión que pueda lograrse en cada caso. Esto provoca que los datos analizados pueden no basarse en todos los animales, por haber existido un refugio previo de animales. Al respecto, Cardellino y Rovira (1987) señalan que la intensidad y el diferencial de selección son más reducidos en la práctica debido principalmente a dos razones, la primera, porque la selección nunca es estrictamente por truncación (refugio por características secundarias); y la segunda, porque los

individuos seleccionados no contribuyen todos por igual a la próxima generación.

- * la interacción genotipo - ambiente existente en la práctica no es considerada en los modelos disponibles. La pérdida de ganancia genética entre generaciones puede ocurrir, entonces según Cardellino y Rovira (1987), porque gran parte de la respuesta en un ambiente no se manifiesta en el ambiente al cual la población pasa en la siguiente generación.
- * la selección natural, actuando a través de la fertilidad, viabilidad, etc. puede ejercer una acción opuesta a la selección artificial por un carácter determinado, y hacer que el progreso para este último se detenga (Cardellino y Rovira, 1987; Smith, 1988).

En función de este análisis, Smith (1988) concluye que las tasas de respuesta teórica deben ser vistas a largo plazo como tasas de equilibrio, ya que aquellas iniciales, o a corto plazo, pueden ser bajas. En la medida que los nuevos métodos de evaluación (por ejemplo BLUP con Modelo Animal vs Índices de Selección) puedan ser aplicados, diferencias entre lo estimado y lo logrado podrán reducirse.

Una revisión realizada por Mendiando y Urioste (1992), sobre posibles ganancias genéticas a obtener es presentada en el Cuadro N°8:

Cuadro N° 8 - Resultados de respuesta a la selección para diferentes características

CARACTERÍSTICA	RESP. ANUAL	AÑOS	FUENTE
Peso al Destete	1.5%	10	Patti 1965 citado por Smith 1985
Índice 7 caract.	1.2%	13	Eijke 1975 citado por Smith 1985
Peso de Vellón Sucio	52 g	28	Shelton M., 1979
Peso de Vellón Limpio	4g	37	Klerk y Heydenrych, 1990

Fuente: Mendiando J. y Urioste J. (1991)

Por su parte, Cardellino (1992) habla de ganancias teóricas del orden de 6.6 a 7.5 g/año de peso de vellón sucio, dependiendo del intervalo generacional considerado, para una intensidad de selección de 1.1 (solo considera una selección en machos, del 3%), un desvío estándar de 0.6 Kg y una heredabilidad de 0.4 (selección solo por esta característica). En el caso del peso corporal, bajo los mismos supuestos que en peso de vellón, pero con un desvío estándar fenotípico de 8 Kg y una heredabilidad de 0.3, las ganancias serían de 66 g/año.

2.7.3 - Estimaciones de Tendencias Genéticas en el Uruguay

A continuación se describen estimaciones de tendencias genéticas realizadas en el Uruguay. Los antecedentes señalan que las mismas han sido estimadas tanto con registros de cabañas particulares, así como de poblaciones de animales de una determinada raza.

2.7.3.1- Tendencias Genéticas de una cabaña de raza Ideal

Mendiondo y Urioste (1992) estimaron las tendencias genéticas y fenotípicas para las características peso de vellón sucio y peso corporal. Analizaron 1452 registros de borregos dos dientes, hijos de 51 cameros nacidos entre 1978 y 1991. Aplicaron un Modelo Padre Univariado que incluía el efecto del año y del lote al cual pertenecían los borregos, pero la información disponible no permitió considerar los efectos ambientales sistemáticos como edad de la madre, tipo de parto y fecha de nacimiento. La estimación de la tendencia genética se realizó calculando las DEPs (Diferencia Esperada en la Progenie) promedio para cada camero (ponderada por el número de hijos de cada uno) por año, y haciendo la regresión sobre años. Se consideraron dos períodos, los cuales se separaron en función del acceso a la información del Índice de Selección brindado por el S.U.L., descrito anteriormente, el cual pudiera haber influido positivamente en la selección. Las heredabilidades asumidas fueron: 0.4 para peso de vellón sucio y 0.3 para peso del cuerpo.

Mendiondo y Urioste (1992) obtuvieron las tendencias fenotípicas a través del cálculo de los promedios anuales, los que mostraron una importante variación a lo largo del tiempo, lo cual puede ser atribuido, según los autores, más a la variación en las condiciones ambientales (clima, nutrición, manejo, problemas sanitarios) que a la variación genética existente. Las tendencias genéticas logradas arrojaron valores no significativos para ambos períodos (23 g/año para Peso Corporal y 4.2 g/año para Peso de Vellón Sucio). En el primero, se obtuvieron tendencias de -69 g/año y -6 g/año respectivamente, mientras que en el segundo las mismas fueron de 116 g/año y 6 g/año. Los valores estimados distan de los potenciales según lo previsto por la bibliografía, y los autores adjudican estas diferencias a: - la consideración en la selección de características de importancia secundaria en la productividad (ej.: características raciales), - los posibles efectos de la consanguinidad, - la no corrección por efectos ambientales, - el uso prolongado de los cameros lo cual aumenta el intervalo generacional; y - el hecho de que el modelo padre no tiene en cuenta la información por vía materna.

2.7.3.2 - Tendencias Genéticas de dos cabañas Corriedale

Cardellino (1992), estimó las tendencias genéticas de dos cabañas Corriedale durante el período que va desde 1989 a 1991. En una de ellas fueron analizadas tanto características de galpón como de laboratorio, mientras que en la otra solo se consideraron las primeras. El modelo utilizado incluyó los efectos de grupo contemporáneo (una combinación de año y lote), tipo de nacimientos (único vs. múltiple) y el efecto del padre del animal controlado. De esta manera se obtuvieron los valores de cría de los padres, expresados en DEP, para cada una de las características involucradas. Las heredabilidades utilizadas fueron: 0.43 para peso de vellón sucio, 0.36 para peso corporal, 0.35 para peso de vellón limpio, y 0.37 para diámetro. Las tendencias genéticas se estimaron a partir del promedio de DEP de cada año, el cual fue obtenido ponderando los valores de cada camero padre por el número de hijos nacidos en cada año.

Los resultados obtenidos se diferenciaron claramente entre ambas cabañas. En la primer cabaña (se consideraron características medidas en laboratorio), se obtuvo una tendencia genética para peso de vellón sucio de 0.066 kg/año, para peso corporal de 0.655 kg/año, para peso de vellón limpio de 0.025 kg/año, y para diámetro de - 0.05 μ /año. Por su parte, las tendencias estimadas para la segunda de las cabañas, fueron de 0.003 kg/año para peso de vellón sucio, y de 0.012 kg/año para peso corporal. Esta presenta a su vez, un progreso genético inconstante, es decir, lo que se adelanta en una característica en algunos años, se atrasa en el otros.

Analizando los resultados, Cardellino (1992), anota como posibles causas del bajo progreso logrado en la segunda cabaña al cambio recurrente en los objetivos perseguidos, y a la incorporación periódica de cameros de otro origen.

3.- MATERIALES Y METODOS

3.1. - ESTRUCTURA DE LOS DATOS.

El presente trabajo se realizó utilizando la información cedida por la Cabaña "Santa Ana", criadora de la raza Ideal, que se encuentra ubicada en el departamento de Florida.

El banco de datos analizado se estructuró con la información productiva, proporcionada por el Secretariado Uruguayo de la Lana, a través de su Servicio de Flock Testing, al cual la cabaña remite sus datos desde los inicios de este servicio; y la información genealógica, la cual fue obtenida de los datos registrados en el propio establecimiento.

En una primera etapa los datos productivos y genealógicos se chequearon por separado, pasando luego a un único archivo que relacionó producción y genealogía, el cual fue testado nuevamente antes de ser analizado.

A continuación, se describen los procedimientos y criterios seguidos en el chequeo de los datos.

A - Datos productivos

Inicialmente se contaba con 1419 registros productivos de animales machos, obtenidos durante los años 1987 a 1994. Los mismos contenían la siguiente información por animal: identificación, tipo de nacimiento, padre, año de esquila, lote de manejo, meses de vellón, índice general y el valor de las características productivas medidas en el galpón y en laboratorio. Los lotes citados, son definidos por el cabañero en función del manejo alimenticio que han recibido desde su nacimiento hasta la esquila (pradera o campo natural), y agrupan, además, animales nacidos en la misma estación de parto (otoño o primavera), y por ende con diferente edad a la esquila.

Las características tenidas en cuenta en este estudio fueron peso de vellón limpio, diámetro de fibra y peso del cuerpo, distribuyéndose las mismas en 1419, 1102 y 1386 registros, respectivamente. Del total de animales 1082 tienen el dato del padre.

Se analizó la inclusión de la característica peso de vellón sucio, como carácter indirecto, debido a la alta correlación genética y fenotípica existente entre ésta y el peso de vellón limpio (0.75 y 0.90, respectivamente). En este caso en particular, con los datos disponibles y los criterios asumidos, no aumentaba en forma relevante el número de animales con información propia.

Los datos de diámetro de fibra y peso corporal se expresaron en valor absoluto, ya que en la planilla de Flock Testing están como desvío de la media.

Los criterios de eliminación fueron los que a continuación se enumeran:

- a) se eliminaron dos lotes de carneros, o sea, registros que no correspondían al primer vellón del animal: el lote 5 del año 1988 con tres animales, y el lote 6 del año 1987 con cinco animales.
- b) no se consideraron los datos de peso de vellón limpio que fueron calculados en función del rendimiento al lavado promedio del lote al que pertenecían, y no mediante análisis de laboratorio. Solamente un porcentaje de todas las muestras enviadas son analizadas. Tampoco se tuvieron en cuenta aquellos datos que presentaban valores mayores al peso de vellón sucio correspondiente. De esta manera se eliminaron 322 registros.
- c) los mellizos fueron eliminados. La razón de esta medida fue el escaso número (41 animales que significan el 3.0% del total), y la mala distribución de los mismos en los distintos lotes y años.
- d) se eliminaron todos aquellos registros productivos que distaron más de una vez y media del Intervalo Intercuartílico de cada una de las características, dentro del lote y año. Para la característica peso de vellón limpio los datos fueron corregidos previamente por mes de vellón. Por este criterio se perdieron 79 registros de peso de vellón limpio, 84 de diámetro de fibra y 96 de peso del cuerpo.

Una vez finalizada la eliminación de registros productivos, quedaron 982 datos de peso de vellón limpio, 982 de diámetro de fibra y 1246 de peso corporal.

B - Genealogía

Los registros genealógicos de la cabaña contaban con información perteneciente a 4808 animales, machos y hembras, nacidos entre los años 1985 y 1994. Cada animal presentaba la identificación individual, el sexo, su fecha de nacimiento, la identificación del padre y de la madre, observaciones generales y origen (pedigrí o puro por cruza).

Del total de animales, 3690 contaban con padre y madre identificados, 719 solo tenían el dato de la madre, 332 solo el padre y 67 no contaban con registros de sus progenitores.

Se testaron inconsistencias en los datos de forma de mantener una lógica entre los mismos. Los pasos seguidos fueron:

- * generar identificaciones únicas para cada padre utilizado. Existían 97

denominaciones diferentes de padres en todos los años, algunas de las cuales presentaban un número muy reducido de hijos (menos de cinco). En función de lo averiguado con el cabañero se redujo el número de identificaciones paternas a 67 (total de padres utilizados), al agrupar algunos casos en los que un mismo padre admitía más de una denominación. Este chequeo en la identificación de padres, se realizó conjuntamente con el archivo productivo.

- * se detectaron 134 caravanas de animales repetidas. Las mismas se diferenciaron según sexo, padre o madre y origen, unos de otros.
- * se eliminaron las identificaciones de padres y/o madres que habiendo nacido dentro del período considerado no tenían al menos dos años de edad al momento de nacer sus hijos. Además no fueron consideradas todas aquellas madres con más de un hijo por año, no mellizos.

Luego de esta depuración quedaron 3249 animales con información de ambos progenitores, 660 con la de su madre, 784 de su padre y 115 animales no presentaban datos genealógicos.

Finalmente, se creó una única identificación para cada animal, la cual contaba con la caravana del mismo más la identificación de su padre.

C - Archivo analizado

Una vez que los datos de ambos archivos estuvieron preparados se procedió a la unión de los mismos. Para ello se creó en el archivo de los datos productivos una única identificación de animales, con el mismo criterio seguido en los datos genealógicos (animal + padre).

Se adjuntaron a los datos genealógicos, los registros productivos de todos aquellos animales que coincidían en la identificación, y que además, su año de esquila era un año posterior al de su nacimiento.

Los casos de inconsistencias fueron estudiados uno por uno, en la mayoría no coincidían los padres y en otros el año de esquila no guardaba relación con el año de nacimiento del animal. Vale acotar que en los casos en que esta relación era la deseada, pero faltaba el padre en alguna de las dos fuentes de información, se consideró el dato del padre de la fuente que lo manifestaba. Un número reducido de animales (29) no coincidían en el sexo, tomándose como criterio que todo animal enviado a FT es macho.

De esta manera, se adjuntaron 895 registros de machos con la información de al menos una de las características de interés, el año de esquila, el lote y el índice general brindado por el S.U.L.. De este total, 585 contaban con el dato fenotípico de las tres características.

Finalmente se consideraron: 679 registros de peso de vellón limpio, 671 de

diámetro de fibra y 841 de peso corporal. La distribución de los datos entre años y sus características son mostradas en los cuadros N° 9 y 10:

Cuadro N° 9 - Número de registros de cada característica por año.

	1987	1988	1989	1990	1991	1992	1993	1994	Total
PVL	75	95	128	117	95	89	63	17	679
DF	73	92	118	116	96	86	68	22	671
PC	72	120	156	148	129	87	100	29	841

Cuadro N° 10 - Descripción de los datos productivos analizados.

Característica	PVL corregido	DF	PC
Máximo	7.01	27.70	66.50
Media	3.57	21.87	37.54
Mínimo	1.50	16.90	21.00

El valor máximo de peso de vellón limpio corregido se registró en el lote 2 del año 1987, el cual presenta una media de 6.05 Kg en un total de 14 animales. Por su parte, el máximo en peso del cuerpo se ubicó en el lote 1 del año 1993, con un total de 35 animales y una media de 56.5 Kg.

Para el conjunto de la población analizada el número de padres fue de 67, 22 de los cuales son nacidos dentro del período considerado, y por lo tanto cuentan con datos genealógicos. Dentro de éstos, a su vez, 15 tienen registros fenotípicos propios. Estos valores dan un promedio de 61 hijos por padre, con un mínimo de 1 hijo y un máximo de 250 hijos nacidos. El número de padres utilizados por año se describe en el Cuadro N°11:

Cuadro N° 11 - Número de padres utilizados por año.

	1985	1986	1987	1988	1989	1990	1991	1992	1993	1994	Total
N° de padres	22	20	17	9	14	9	9	11	10	12	133

Nota : El número total de padres no es la simple suma de los carneros utilizados en los distintos años ya que los mismos se repiten entre años, sirviendo así de conexión.

Por su parte, el número de madres utilizadas fue de 1547, de las cuales 899 cuentan con datos genealógicos por haber nacido durante los años considerados. El promedio de hijos por madre fue 3.

A los padres y madres que no eran nacidos dentro del período, y por lo tanto no contaban con registros genealógicos, se les asignó una identificación única para la evaluación, quedando el archivo final de análisis conformado por 5501 animales. El total de animales evaluados fue de 4751, ya que 750 quedaron desconectados genéticamente de la población, y no cuentan con registro productivo propio.

Durante todo el proceso de generación del archivo final se asumieron criterios de elección y limpieza de datos que pueden ser discutibles ya que no existe seguridad de que sean los que mejor describen la realidad, sin embargo permitieron mantener cierta lógica entre los datos.

En el Cuadro N° 12, se resume el número de registros eliminados de acuerdo a los criterios de calidad que se preestablecieron para chequear la consistencia de los datos productivos con los que se contaba.

Cuadro N° 12 - Número de registros eliminados según criterio de calidad definido

Causa de Rechazo	PVL		DF		PC	
	Nº	%	Nº	%	Nº	%
Inicial	1419	100	1102	100	1386	100
1. Lotes de carneros	8	-	3	0.5	3	-
2. Animales sin dato individual de Peso de Vellón Limpio	315	22	-	-	-	-
3. Datos de PVL > PVS	7	-	-	-	-	-
4. Mellizos	28	2	28	2.5	41	3
5. Datos extremos	79	6	84	8	96	7
6. Inconsistencia entre fecha de nacimiento y fecha de esquila	155	11	152	14	186	13
7. Inconsistencia en la identificación de los padres	96	7	93	8	118	8
8. No tienen registros genealógicos	38	3	52	5	80	7
9. No coincide el sexo	14	1	14	1	21	1
Aceptados	679	48	671	61	841	61

3.2 - METODOLOGÍA APLICADA

A continuación se describe la metodología aplicada para el cumplimiento de los objetivos planteados en este trabajo. Los animales fueron evaluados para las características peso de vellón limpio (PVL), diámetro de fibra (DF) y peso del cuerpo (PC) medido como borrego.

Se detallan los pasos seguidos para llevar a cabo la evaluación genética, y los posteriores análisis realizados con los valores de cría obtenidos. Estos últimos fueron básicamente dos: 1- Comparación de dos métodos de selección; 2- Estimación de tendencias genéticas.

3.2.1- Evaluación Genética

El peso de vellón limpio fue corregido a 12 meses de vellón. Para esta corrección se asumió un crecimiento lineal de la lana durante el año, ya que todos los animales fueron esquilados de cordero, y por lo tanto la lana inicial puede considerarse cero. La corrección realizada fue la siguiente:

$$PVL_{\text{corregido}} = PVL \times 12 / \text{MESES DE VELLON}$$

3.2.1.1- Modelo utilizado para el análisis de los factores ambientales.

Para el análisis de los datos se definió como grupo contemporáneo a aquel conjunto de animales nacidos en el mismo mes y año, y pertenecientes al mismo lote de manejo. Los grupos de comparación fueron definidos para cada una de las características a evaluar, y los constituidos por menos de cinco animales fueron agrupados con el grupo más próximo, entendiéndose del mismo lote y año, y nacidos en el mes más cercano al propio, perteneciente a la misma estación del año (otoño o primavera). Finalmente quedaron 46 grupos para la característica PVL, 47 para DF y 49 para PC.

El efecto edad de la madre no pudo ser considerado como tal, al no contar con dicha información. Como forma de cuantificar el efecto madre las mismas se clasificaron según el tipo de parto en primíparas o multiparas. Para ello se indexó por madre y año de nacimiento del borrego, siendo primíparas el primer año que daban cría, y multiparas en sus consecutivas pariciones. Para el año 1985, se consideraron todas como multiparas, por no contar con información anterior.

Los factores ambientales considerados en el modelo fueron, entonces: edad de la madre (2 clases) y el efecto año-lote-mes de nacimiento (grupo contemporáneo).

La significancia de los distintos efectos ambientales fue establecida considerando el modelo fijo detallado a continuación:

$$Y_{ij} = \mu + Npa_i + ALM_j + e_{ij}$$

donde :

- Y_{ijk} = valor fenotípico de la característica analizada del k-ésimo animal.
- μ = media general de cada característica.
- Npa_i = efecto fijo del i-ésimo tipo de parto de la madre (1 o 2).
- ALM_j = efecto fijo del j-ésimo grupo contemporáneo.
- e_{ijk} = efecto aleatorio del error asociado a cada observación: $e \sim N(0; \sigma_e^2)$.

El método utilizado fue el de mínimos cuadrados, provisto por el procedimiento GLM del paquete estadístico SAS versión 6.11, considerando el análisis de varianza de tipo III.

3.2.1.2- Predicción del Valor de Cría de los animales

La evaluación genética se realizó para las tres características, utilizando un Modelo Animal Multivariado.

Para la predicción de los valores de cría se aplicó la metodología BLUP. El programa de computación utilizado fue cedido a la Cátedra de Zootecnia (Facultad de Agronomía, Uruguay) por el Dr. R.J.C. Cantet, de la Universidad de Buenos Aires, Argentina.

Se incluyeron en el modelo final todos aquellos efectos ambientales que probaron ser significativos en el análisis realizado previamente ($P < 0.05$), y el mismo quedó finalmente:

$$Y_{ij} = \mu + ALM_i + a_j + e_{ij}$$

donde : Y_{ij} = valor fenotípico de la característica del j ésimo animal perteneciente al i ésimo grupo contemporáneo.
 ALM_i = efecto fijo del i ésimo grupo contemporáneo
 a_j = efecto aleatorio del j ésimo animal
 e_{ij} = efecto aleatorio del error asociado a cada observación: $e \sim N(0 ; \sigma_e^2)$

Expresado en términos matriciales sería:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \\ y_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 & 0 \\ 0 & X_2 & 0 \\ 0 & 0 & X_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ b_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 & 0 \\ 0 & Z_2 & 0 \\ 0 & 0 & Z_3 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix}$$

donde : Y_i = vector de las observaciones de la i ésima característica
 b_i = vector del efecto fijo (grupo contemporáneo) de la i ésima característica
 a_i = vector del efecto aleatorio animal de la i ésima característica
 e_i = vector del efecto aleatorio residual de la i ésima característica
 X_i y Z_i = matrices de incidencia que relacionan los registros de la i ésima característica con los efectos fijos y animal respectivamente.

Las matrices de correlaciones genéticas y residuales asumidas fueron:

$$\text{var} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ a_3 \\ e_1 \\ e_2 \\ e_3 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} g_{11}A & g_{12}A & g_{13}A & 0 & 0 & 0 \\ g_{21}A & g_{22}A & g_{23}A & 0 & 0 & 0 \\ g_{31}A & g_{32}A & g_{33}A & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & r_{11} & r_{12} & r_{13} \\ 0 & 0 & 0 & r_{21} & r_{22} & r_{23} \\ 0 & 0 & 0 & r_{31} & r_{32} & r_{33} \end{bmatrix}$$

donde : g_{ij} = elementos de la matriz de varianzas y covarianzas genético aditivas del efecto animal y cada elemento es:

g_{11} , g_{22} y g_{33} = varianza genético aditiva de los efectos directos de la característica 1, 2 y 3, respectivamente.

$g_{12} = g_{21}$ = covarianza genético aditiva entre las características 1 y 2

$g_{13} = g_{31}$ = covarianza genético aditiva entre las características 1 y 3

$g_{23} = g_{32}$ = covarianza genético aditiva entre las características 2 y 3

r_{ij} = elementos de la matriz de varianzas y covarianzas de los efectos residuales.

Los valores genéticos considerados en estas matrices se basaron en los mismos parámetros utilizados por el S.U.L. (Cardellino y Ponzoni, 1985) para la elaboración del Índice de Selección, y son los que se detallan en el Cuadro N° 13.

Cuadro N° 13 - Parámetros genéticos y fenotípicos para Peso de Vellón Limpio (PVL), Diámetro de Fibra (DF), N° de Cord. Destetados (NCD), Peso al Destete (PD), Peso Vivo Adulto (PA), Peso de Vellón Sucio (PVS) y Peso de Borrego (PB).

	PVL (Kg)	DF (micras)	NCD	PD (Kg)	PA (Kg)	PVS (Kg)	PB (Kg)
MEDIA	2.8	27.0	0.70	20.0	42.0	4.0	38.0
HEREDABILIDAD	0.4	0.5	0.1	0.25	0.4	0.35	0.40
VARIANZA FENOTÍPICA	0.25	4.7	0.22	8.0	16.0	0.28	16.0
PVL		0.30	0.00	0.25	0.30	0.90	0.30
DF	0.30		0.10	0.10	0.13	0.30	0.13
NCD	0.00	-0.10		0.12	0.15	0.00	0.15
P.D.	0.25	0.10	0.20		0.35	0.25	0.35
P.A.	0.20	0.10	0.25	0.70		0.30	0.70
PVS	0.75	0.30	0.00	0.25	0.20		0.35
P.B.	0.20	0.10	0.25	0.90	0.80	0.20	

Nota : Valores por encima de la diagonal corresponden a correlaciones fenotípicas y valores por debajo a correlaciones genéticas.

Fuente : Cardellino y Ponzoni (1985)

3.2.2.- Comparación de Índices obtenidos por dos métodos de evaluación

Para comparar las estimaciones del índice de selección del Flock Testing con las estimaciones obtenidas en el modelo animal, se consideraron los mismos objetivos y criterios definidos por el Secretariado Uruguayo de la Lana (Cardellino y Ponzoni, 1985). Los mismos, para la raza Ideal, son:

Objetivo (H): $H = (15.6 VC_{PVL}) - VC_{DF} + (17.6 VC_{NCD}) + (0.5 VC_{PD}) + (0.1 VC_{PA})$

donde VC son los valores de cría del animal para las características:

- PVL = peso de vellón limpio
- DF = diámetro de fibra.
- NCD = n° de corderos destetados
- PD = peso al destete
- PA = peso adulto

Los valores económicos considerados surgen de referir los mismos al valor del diámetro. Los valores de cada característica utilizados son los siguientes:

$PVL = \$ 2294$; $DF = \$ -147.1$; $NCD = \$ 2590$; $PD = \$ 69.3$; $PA = \$ 15.3$

Criterio (I): $I = b_1 \cdot PVL + b_2 \cdot DF + b_3 \cdot PC$

Posteriormente se desarrolló el índice con los valores de cría tomados del modelo animal, según Schneeberger et al. (1992), donde el coeficiente de regresión parcial se calcula de la siguiente manera:

$$b = G_{11}^{-1} \cdot G_{12}' \cdot v$$

siendo :

- G_{11}^{-1} = matriz de varianzas y covarianzas genéticas entre las características incluidas en el criterio de selección.
- G_{12}' = transpuesta de la matriz de varianzas y covarianzas genéticas entre las características objetivo y las incluidas en el criterio.
- v = vector de valores económicos relativos de las características incluidas en el objetivo.

Los valores de las matrices G_{11} y G_{12} se obtuvieron a partir de los datos presentados en el Cuadro N° 13.

De esta manera el índice elaborado quedó:

$$IB = 15.698 VC_{PVL} + (-1.212) VC_{DF} + 0.5999 VC_{PC}$$

A partir de este momento se identificará como Índice BLUP (IB) al desarrollado en este trabajo, e Índice S.U.L. (IS) al desarrollado por el Secretariado Uruguayo de la Lana.

Una vez obtenidos los índices BLUP, para cada animal evaluado, se comparó con el IS a través de Correlaciones de Rango (Correlaciones de Spearman), dentro de lotes y años, y para aquellos casos en que el animal contaba con el valor del IS (éste solo se calcula cuando existe el valor fenotípico de las tres características).

3.2.3.- Estimación de Tendencias Genéticas

1) Se estimaron las tendencias fenotípicas de las tres características evaluadas, como forma de describir lo sucedido en la cabaña, durante el período considerado, que va desde 1986 a 1993. Para ello se calcularon las medias fenotípicas de cada características según año de nacimiento de los animales.

2) Se estimaron las tendencias genéticas de las características, con los coeficientes de regresión de las rectas resultantes, que representan la tasa de ganancia genética promedio durante el período considerado.

Los valores de cría utilizados para la estimación de las tendencias fueron los siguientes:

a) valores de cría promedio de toda la población predichos mediante el modelo animal multivariado. A las tendencias estimadas con este criterio se les denominó Modelo Animal 1 (MA1).

b) valores de cría de todos aquellos animales que contaban con registro propio, o estaban en una generación de animales que si los tenían, y que además presentaran genealogía completa, es decir padre y madre identificados. Se utilizaron los valores de cría de 1809 animales y a estas estimaciones se les llamó Modelo Animal 2 (MA2).

c) regresión en el año de nacimiento de los valores de cría del IB.

d) valores de cría obtenidos mediante un *Modelo Padre Univariado*. El modelo padre que se aplicó fue el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + S_i + ALM_j + e_{ijk}$$

donde : Y_{ijk} = es el registro fenotípico de cada característica (por separado) del késimo borrego, hijo del iésimo carnero perteneciente al jésimo grupo contemporáneo.

μ = media general de cada característica.

S_i = efecto aleatorio del carnero i: $S \sim N(0 ; \sigma_e^2)$

ALM_j = efecto fijo del grupo contemporáneo j.
 e_{ijk} = efecto residual aleatorio: $e \sim N(0 ; \sigma_e^2)$

Se utilizó el Proc. Mixed del paquete estadístico SAS, versión 6.11, obteniéndose la significancia del efecto padre para cada característica y su valor genético expresado como DEP (Diferencia Esperada en la Progenie).

La tendencia genética así se estimó entonces como:

Valores de cría (DEP x 2) promedio por año:

$$\overline{VC} = \frac{\sum VC_i \cdot n_i}{N}$$

donde : $\overline{VC}$ = promedio de los valores de cría de los padres en cada año.
 VC_i = valor de cría del carnero i
 n_i = número de hijos del carnero i nacidos en ese año.
 N = número total de hijos nacidos ese año.

Las mismas son definidas como Modelo Padre Univariado (MPU)

4.- RESULTADOS

4.1.- EVALUACION GENETICA POR MODELO ANIMAL MULTIVARIADO

El modelo fijo analizado para estudiar la significancia de los distintos efectos ambientales arrojó los resultados mostrados en el Cuadro N° 14:

Cuadro N° 14 - Significancia de los efectos fijos analizados

EFFECTO FIJO	PVL	DIAMETRO	PC
N° Parto	0.1294 ns	0.0684 ns	0.1535 ns
Lote-Año-Mes	0.0001	0.0001	0.0001

El grupo contemporáneo (lote, año, mes de nacimiento) fue significativo, por lo que constituyó el único efecto fijo considerado en el modelo de evaluación.

Se evaluaron un total de 4751 animales, de los 5501 que formaban el banco de datos original, 2253 se estimaron a partir de la información brindada por parientes que distaban dos generaciones, es decir tenían un parentesco del 25%, y 1603 se basaron en información de parientes que estaban a una generación de distancia.

Los valores de cría predichos muestran una variación importante en la majada para las diferentes características. En la figura N° 1, se muestra la distribución de los valores de cría para las tres características.

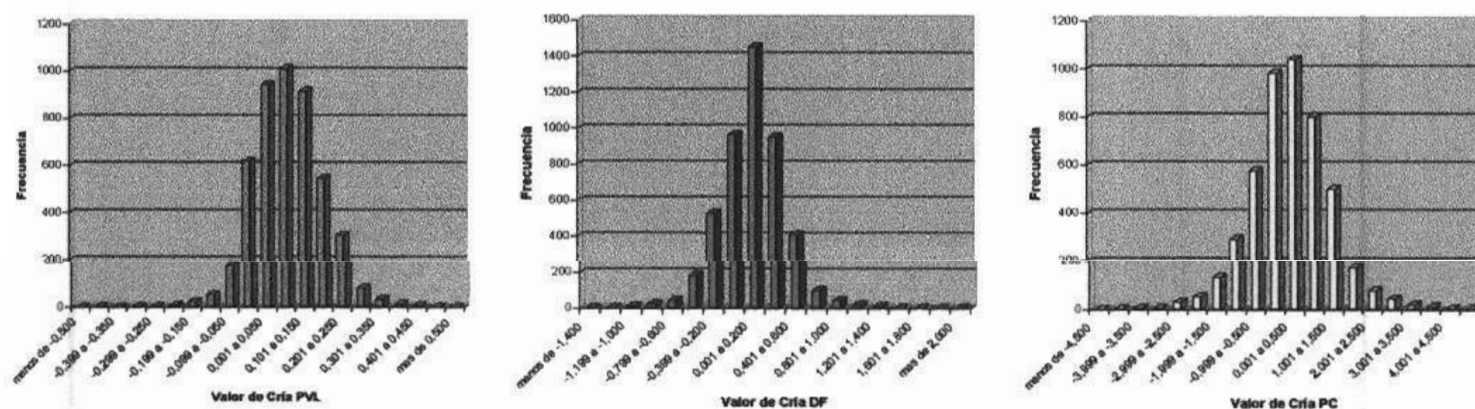


Figura N°1- Curva de distribución de los Valores de Cría de las tres características

Como se desprende de la Figura N° 1, la variabilidad existente depende de la característica considerada, siendo en este caso, el diámetro la que concentró una mayor cantidad de animales en la media.

El Cuadro N° 15, presenta estadísticos descriptivos básicos de los valores de cría y precisiones obtenidas, para las tres características evaluadas.

Cuadro N° 15 - Análisis descriptivo de los Valores de Cría y Precisiones obtenidos

	VCPVL	PREC		VCDF	PREC		VCPC	PREC	
		M	H		M	H		M	H
Media	0.032	0.38	0.27	0.081	0.43	0.32	0.153	0.48	0.36
Máximo	0.51	0.87	0.54	1.89	0.90	0.60	4.59	0.89	0.59
Mínimo	-0.47	0.02	.003	-1.38	0.02	0.02	-4.30	0.05	0.02
Rango	0.98	0.85	0.54	3.27	0.88	0.58	8.89	0.57	0.57

La precisión obtenida en las predicciones de los valores de cría, se diferencié claramente entre machos y hembras. Mientras los primeros obtuvieron valores por encima de 0.8, las hembras no superaron el 0.6. Esto se explica por la falta de registros productivos de hembras, cuyos valores de cría fueron estimados exclusivamente por parentesco.

Por otro lado, la distribución de los valores de precisión también fue diferente para machos y hembras, lo que se observa en la Figura N° 2.

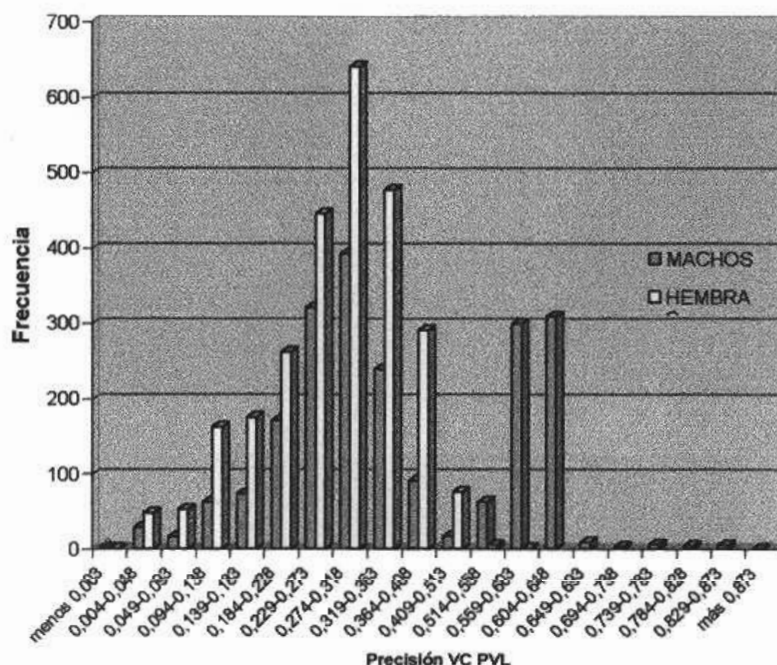


Figura N° 2 - Distribución de los valores de precisión en machos y hembras para PVL

El doble pico que presenta la curva de distribución de precisiones de machos, se explica por las diferencias existentes en la información con la que cada uno cuenta. Existe un porcentaje de machos que tienen registro productivo propio, y a su vez, información genealógica completa, obteniendo las máximas precisiones

registradas.

Por su parte, las precisiones promedio obtenidas, se deben principalmente a la estructura de datos utilizada.

Del total de padres existentes en el archivo genealógico, 10 no fueron evaluados por haber quedado desvinculados genéticamente del resto de la población, y no contar con hijos con registros productivos. Contrariamente, 15 de los padres utilizados presentaron su propio registro, y a su vez, 11 de éstos tienen hijos machos con datos.

Sobre una población total de 5501 animales identificados en la población, 750 no fueron evaluados por no presentar vinculación genética con alguno de los animales que cuentan con registro propio.

En la Figura N° 3, se muestran los valores de cría de los 10 padres que tuvieron el mayor número de hijos durante el período considerado. Los mismos dieron entre 150 y 250 hijos en total, fueron utilizados durante dos a cuatro años, y registraron precisiones mayores a 0.78.

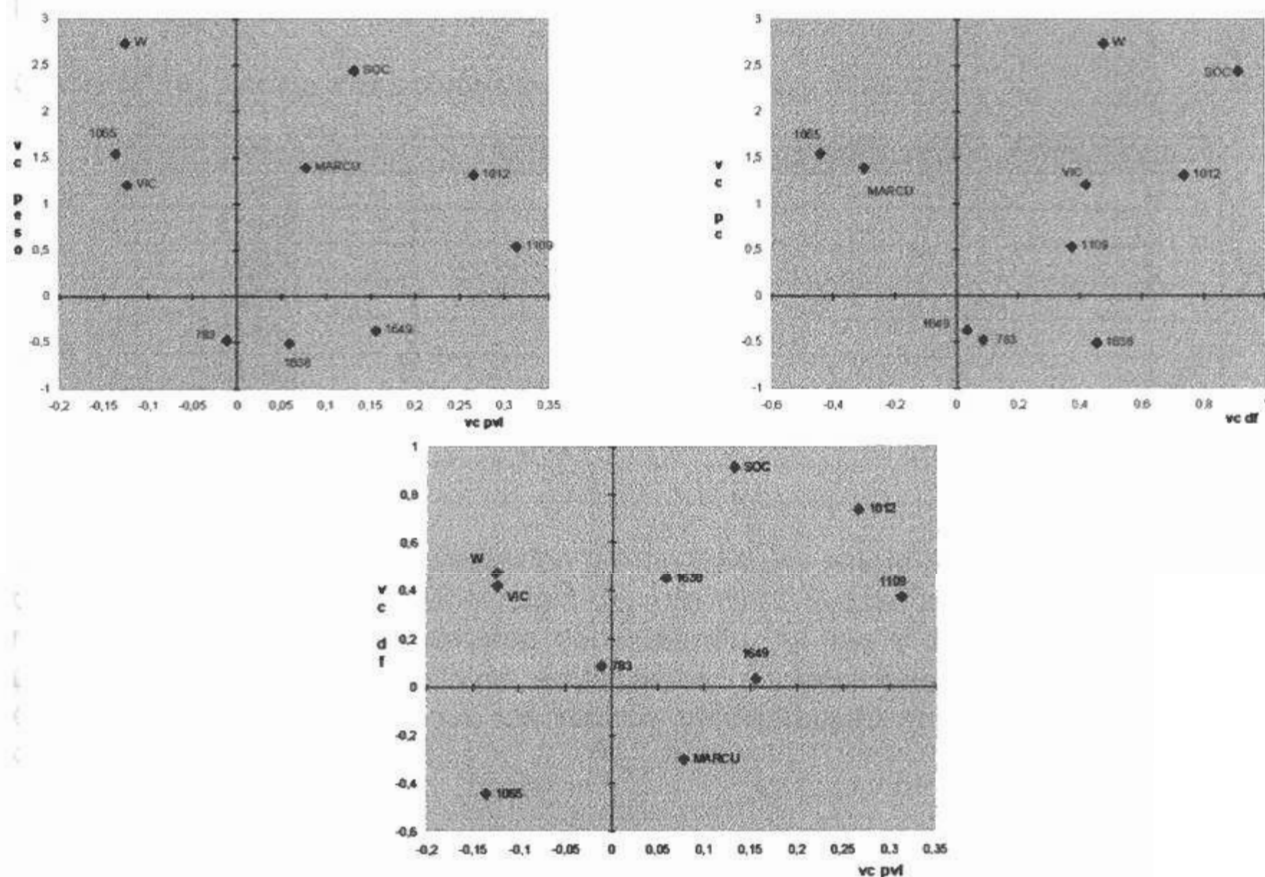


Figura N° 3 - Valores de Cría de los 10 padres más usados, para cada característica

Las correlaciones genéticas entre las tres características, si bien son positivas, tienen valores absolutos que permiten obtener una dispersión de los datos tal que pueden encontrarse animales positivos para una de ellas y negativo para otra. Esto favorece el interés de los productores, en general, y de éste en particular, ya que, y como queda demostrado en la Figura N° 3, se pueden seleccionar animales que, por ejemplo, mejoren el peso de vellón limpio, y al mismo tiempo afinen, o al menos, no engruesen la fibra. A su vez, se podría siguiendo una política adecuada de selección, elegir animales de buen tamaño, aspecto que sigue siendo comercialmente importante dentro de la raza. Un ejemplo claro lo constituye Marcu, carnero con valor de cría positivo para peso de vellón limpio y peso del cuerpo, y negativo para diámetro de fibra (este carnero tiene un total de 178 hijos, nacidos durante cuatro años).

4.2.- CORRELACIONES DE RANGO ENTRE EL IS Y EL IB

El índice BLUP, construido para cada animal, siguiendo los pasos descritos en el ítem anterior, arrojó un valor medio de +0.47, un máximo de +7.22, y un mínimo de -7.51. El mismo fue estimado para el total de animales evaluados (4751), independientemente del año y lote al que pertenecían.

Los resultados obtenidos de las correlaciones de rango de Spearman, entre el IB y el IS se muestran en el Cuadro N° 16.

Cuadro N° 16 - Correlaciones promedio por año entre el IS y el IG

AÑO	Nº DE DATOS	CORRELACION PROMEDIO
1987	78	0.85
1988	100	0.79
1989	135	0.77
1990	124	0.83
1991	99	0.81
1992	98	0.74
1993	69	0.59
1994	22	0.56
PROMEDIO	725	0.74

El valor máximo de correlación fue de 0.94, en el lote 4 del año 1990, mientras que el mínimo fue de 0.56, en el lote 1 del año 1994. Si bien los rangos de correlación muestran una variación importante dependiendo del lote y del año en cuestión, no guardan una tendencia definida entre éstos, es decir, no hay años con mayor correlación que otros, sino que los valores se distribuyen entre todos los rangos de comparación.

4.3.- ESTIMACION DE TENDENCIAS GENETICAS

En el Cuadro N° 17 y la Figura N° 4, se muestran las tendencias fenotípicas de la cabaña para las tres características evaluadas, durante el período comprendido entre los años 1986 a 1993.

Cuadro N° 17 - Tendencias fenotípicas para las tres características evaluadas

Característica	Incremento Anual	Incr. referido a la media	Signif.
PVL	-0.086 Kg	- 2.4 %	0.0001 *
DF	0.037 μ	0.16 %	0.30 ns
PC	0.79 Kg	2.1 %	0.0001 *

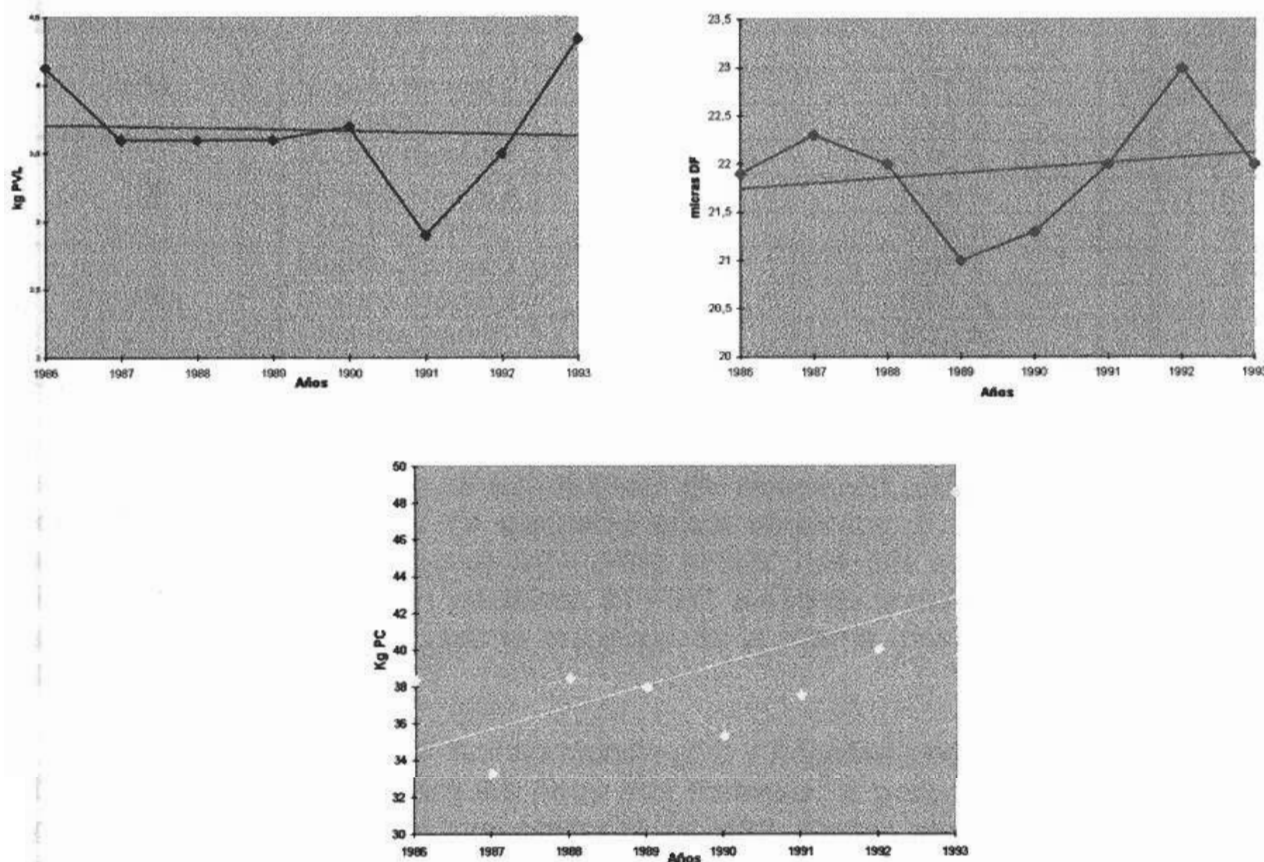


Figura N° 4. Tendencias fenotípicas del PVL, DF y PC

Los promedios fenotípicos para el período de 8 años considerado, fueron de - 688 g para PVL, 0.296 μ para DF y 6.3 Kg para PC. El valor para PC obtenido difiere del presentado por Mendingo y Urioste (1992), de 40.14 Kg en la misma población, probablemente explicado por la consideración, en el presente trabajo de un período

más reducido, y un proceso de selección de datos diferente. Se observan variaciones importantes en los promedios anuales de las características, las que se explican en parte por las diferencias ambientales, y por los cambios en la composición genética de la majada. La gráfica marca una tendencia negativa para PVL, principalmente en los últimos años, mientras que el DF y el PC tienden a mantenerse constantes. Mendingo y Urioste (1992) señalan posibles trastornos climáticos y cambios en el manejo, que implican una mayor dotación por hectárea, como probables responsables de los resultados.

Los resultados de las tendencias genéticas se presentan en el Cuadro N° 18 y en la Figura N° 5, con las tasas de ganancia anual y significancia, de las tres tendencias definidas según valores de cría considerados.

Cuadro N° 18 - Estimaciones de Progreso Genético

Característica	Estimación del Valor de Cría	PG anual	PG referido a la media	Signif.
PVL	Modelo Animal 1	0.0004 Kg	0.011 %	0.92 ns
	Modelo Animal 2	0.005 Kg	0.14 %	0.28 ns
	Modelo Padre	0.005 Kg	0.14 %	0.64 ns
DF	Modelo Animal 1	-0.012 μ	0.05 %	0.001 *
	Modelo Animal 2	-0.013 μ	0.06 %	0.11 ns
	Modelo Padre	0.013 μ	0.06 %	0.71 ns
PC	Modelo Animal 1	-0.021 Kg	0.06 %	0.40 ns
	Modelo Animal 2	-0.021 Kg	0.06 %	0.54 ns
	Modelo Padre	0.122 Kg	0.32 %	0.17 ns
IB	Modelo Animal 1	0.0075	1.5 %.	0.89 ns

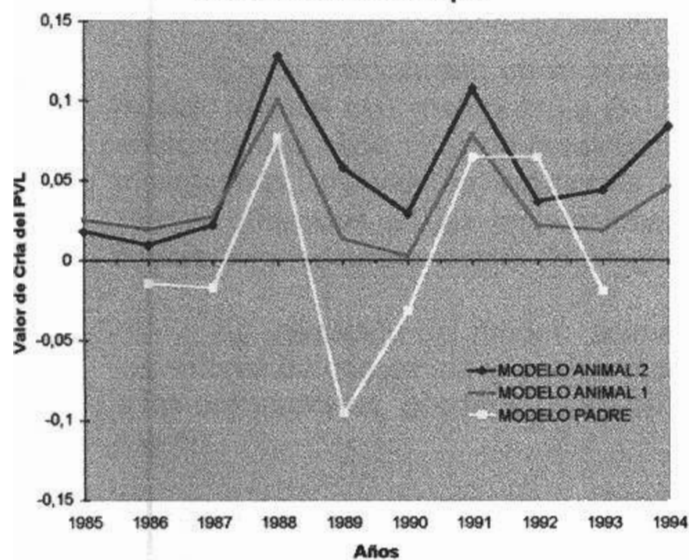
Las tendencias genéticas estimadas para el PVL y PC no resultaron significativas para ninguno de los métodos de estimación utilizado, si bien muestran diferencias en los valores de ganancia anual obtenidos. EL PC arrojó tendencias negativas para los dos métodos del modelo animal, mientras que con el modelo padre las tasas de ganancia son positivas. El PVL, presentó tasas de ganancia positivas para los tres métodos, si bien la magnitud de la misma mostró diferencias entre el MA1.

La tendencia del DF resultó significativa y negativa para las estimaciones con MA1, y no significativa para los otros dos métodos, a pesar que la tasa anual de ganancia presenta un valor muy similar al del MA2. Ambos dan tendencias negativas, contrario a lo logrado con el modelo padre.

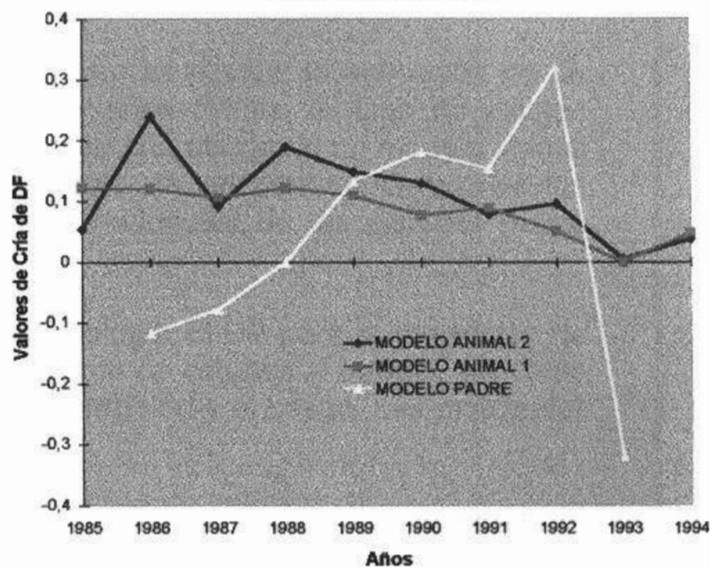
La tendencia genética del índice BLUP, presenta un comportamiento similar al del PVL estimado con modelo animal, lo cual guarda relación con el peso relativo que se le asigna a ésta en la elaboración del índice (casi 15 veces mayor que el DF y el PC).

Figura N° 5 – Tendencias Genéticas de las características productivas consideradas y del IB estimado.

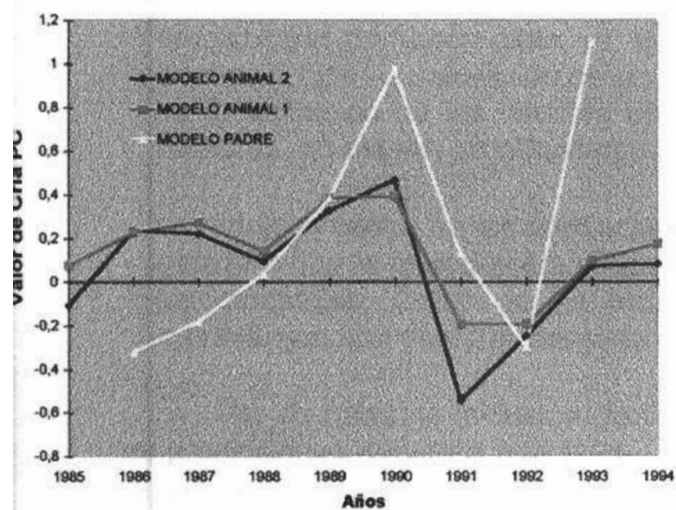
Peso de Vellón Limpio



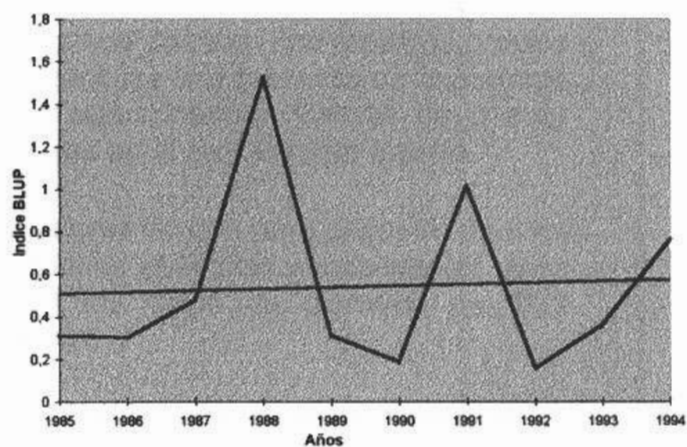
Diámetro de Fibra



Peso Corporal



Índice BLUP



5.- DISCUSION

5.1.- ESTIMACION DE VALORES DE CRIA

Se ha demostrado en el presente trabajo que es posible la aplicación de un modelo animal con metodología BLUP, en poblaciones ovinas. Si bien no existen antecedentes nacionales de predicción de valores de cría utilizando un modelo animal multivariado, los valores estimados en este trabajo se encuentran dentro de los rangos obtenidos en las evaluaciones genéticas nacionales de las distintas razas, realizadas mediante pruebas de progenie.

La utilización del modelo animal con metodología BLUP para la predicción de los valores de cría de los animales otorgó un conjunto de virtudes al trabajo, así como a las estimaciones, desde el punto de vista de la precisión y el sesgo. Las principales fueron:

- * permitió evaluar un número considerable de animales, como ya fue mencionado se obtuvo el valor de cría de 4751 lanares.
- * se obtuvieron los valores de cría de las hembras. Si bien las precisiones de las predicciones no fueron altas, ya que las hembras no cuentan con registros propios de producción, la valoración de las hembras constituye una herramienta importante en la definición de los criterios de selección y apareamiento. Valores de cría de hembras, en ovinos, se obtuvieron por primera vez en el país en este trabajo.
- * se redujo el sesgo en las predicciones de los valores de cría para diámetro de fibra debido a que la metodología utiliza las correlaciones genéticas y ambientales entre características. Como ya se hiciera mención los datos de diámetro de fibra representan una muestra sesgada de la población.

Por su parte, la inclusión de la matriz de parentesco aumenta la precisión de las predicciones debido a que hace uso de toda la información fenotípica disponible, ya sea de los propios individuos o de sus parientes. De esta manera se está haciendo una mejor interpretación de la realidad, lo que permite contemplar aspectos, que en la práctica, alteran la composición genética de la población, como lo son la selección y la consanguinidad.

La población está expuesta a selección constante, ya sea natural o inducida por el productor (González, 1982). La selección en hembras, a pesar de presentar una menor intensidad de selección que los machos, es una práctica de manejo común, principalmente en cabañas, lo cual impulsa cambios en la media y la varianza de las poblaciones, y generalmente se asumen constantes. La consideración de este efecto en las predicciones de los valores de cría reduce el sesgo.

Por su parte, la consanguinidad altera la constitución genética de los individuos, produciendo cambios en las características productivas. A pesar de que los niveles de consanguinidad de esta cabaña en particular, se desconocen, es comprobado el uso prolongado de carneros padres, que a su vez, están emparentados entre sí, según lo afirman Mendiando y Urioste (1992).

El uso de la información genealógica permite obtener valores de cría de animales que no cuentan con registro fenotípico propio, lo que habilita la valoración genética de un número mayor de animales, pudiéndose aumentar, entonces, la intensidad de selección aplicada. Adicionalmente, y siempre que exista conexión genética entre los animales, se pueden realizar comparaciones genéticas entre individuos pertenecientes a diferentes lotes, épocas o años de nacimiento. Ambos aspectos producen beneficios notorios en la selección, y en consecuencia favorecen la obtención de mayores ganancias genéticas en las características.

Si a su vez, aplicamos BLUP con modelo animal, las virtudes de éste como predictor aumentan. El modelo animal tiene en cuenta la identidad de las hembras, y por lo tanto, contempla los apareamientos dirigidos. En general, en la práctica, se utilizan apareamientos de tipo correctivo, es decir "mejor con peor", y en menor proporción, los apareamientos de elite, "mejor con mejor" (Mendiando y Urioste, 1992).

Además, la inclusión de las hembras, lleva a una estimación simultánea de los valores de cría de machos y hembras, lo cual permite considerar la contribución materna en el genotipo del hijo, y aumenta los vínculos genéticos de la población porque contempla la existencia de medio hermanos maternos y hermanos enteros.

Ahora bien, las virtudes citadas en los valores de cría predichos deben ir acompañadas de un buen manejo de la información generada, con una definición de criterios de reemplazos de machos y hembras adecuados, que le permitan aumentar el diferencial de selección aplicado, y de esa manera obtener mayores beneficios genéticos.

Hasta este momento se resumieron las ventajas de la metodología aplicada sobre los valores de cría predichos. Vale mencionar que bajo las circunstancias presentes en este trabajo, se impusieron una serie de limitantes que condicionaron la manifestación del potencial del método de predicción. Deben, por lo tanto, relativizarse los resultados porque no se puede saber cuánto de ese potencial se perdió.

Las limitantes detectadas se describen a continuación:

a) Parámetros utilizados.

Uno de los supuestos sobre los que descansa la metodología BLUP se refiere al uso

de parámetros genéticos y fenotípicos propios de la población analizada. En este caso, son los mismos que se aplican en la elaboración del índice S.U.L., correspondientes a valores promedios de las estimaciones internacionales para razas similares, debido a que, a excepción hecha para el trabajo de Cardellino y Cardellino (1992, citado por Cardellino, 1992) en la raza Corriedale, no existen en nuestro país estimaciones de parámetros para las características productivas de los laneros.

Si bien Cardellino y Ponzoni (1985), hacen referencia a la comprobación de que, dentro de cierto margen de error en los parámetros, las consecuencias sobre los resultados obtenidos son pequeñas, existen antecedentes que muestran que su principal efecto es sobre las estimaciones del progreso genético logrado. Blair y Pollak (1984, citados por James, 1987) encontraron reducciones de hasta un 60% en el progreso genético estimado al variar los valores de heredabilidad de 0.1 a 0.3, mientras que Sorensen y Kennedy (1984), en un rango de variación de la heredabilidad similar, obtuvieron pérdidas del orden del 12 al 19%.

Este aspecto lleva a plantearse sobre la necesidad de realizar estimaciones de parámetros nacionales para futuros trabajos, con el fin de contemplar las variaciones mencionadas, y secundariamente cuantificar las consecuencias de la extrapolación de datos. Hay que tener en cuenta, que este beneficio se obtiene, independientemente del método de estimación aplicado, ya que los existentes hasta el momento, asumen parámetros poblacionales verdaderos, a excepción de los métodos bayesianos, de reciente aparición.

b) Base de datos y criterios asumidos.

La base de datos utilizada, así como los criterios asumidos para la elección de los registros y datos genealógicos a considerar, condicionaron la precisión de las predicciones. Las restricciones principales fueron:

b.1) Dificultad de cuantificar los efectos ambientales conocidos. Esto se traduce en una pobre definición del modelo operacional. La elección de un modelo lo más aproximado posible al verdadero, constituye un paso fundamental para determinar el éxito de los programas de mejora, independientemente del método de estimación que posteriormente se aplique.

La literatura es contundente con respecto a cuáles son los efectos fijos que constituyen importantes fuentes de variación ambiental en características de lana y peso de los borregos. Sin embargo, en este caso en particular, efectos tales como edad de la madre, sexo, edad a la esquila y tipo de nacimiento y cría, no pudieron ser incluidos en el modelo de análisis debido a las particularidades de la base de datos utilizada.

El único efecto que arrojó diferencias significativas fue el grupo contemporáneo, definido por el año y mes de nacimiento, y el lote de manejo. Las

pariciones de la majada se distribuyen en dos estaciones, otoño (incluye los meses de abril a junio) y primavera (considera las pariciones de setiembre a noviembre). El período de distribución de los partos tanto dentro como entre estaciones es cercano a los 90 días, y de acuerdo a los trabajos realizados por Peñagaricano y Vacca (1990), y Ducassou y Maisterra (1996), períodos mayores a los 50 días dan diferencias significativas en peso de vellón sucio. Si bien Ponzoni (1973), llegó a la conclusión de que la fecha de nacimiento no justificaba su consideración, los períodos máximos de distribución manejados por éste (menores a 60 días), son inferiores a los encontrados en este trabajo.

Por otro lado, el manejo diferencial de los lotes, desde el punto de vista alimenticio, genera variaciones importantes en los registros productivos, lo que claramente queda demostrado si tenemos en cuenta que existen lotes de animales con, por ejemplo, peso del cuerpo promedio de 60 Kg y otros que promedian valores menores a los 30 Kg, con edades que varían entre 12 y 18 meses.

El efecto de la edad de la madre, indirectamente identificado por el número de partos, no resultó significativo, en contraposición a lo esperado según antecedentes (Turner, 1961; Ponzoni, 1973; Gregory y Ponzoni, 1981; Peñagaricano y Vacca, 1990). Como ya se hiciera mención, la base de datos utilizada no contaba con el registro como tal, por lo que una de las posibles causas del resultado puede ser el criterio tomado para determinar si la madre era primípara o múltípara, así como el bajo número de madres que permitió un supuesto confiable, aproximadamente 400, que significan cerca de un 50% del total.

Si bien la literatura es consistente acerca del efecto del tipo de nacimiento sobre las características productivas consideradas (Turner, 1961; Gregory y Ponzoni, 1981; Peñagaricano y Vacca, 1990; Mortimer y Atkins, 1993; Ducassou y Maisterra, 1996), éste no fue analizado debido al bajo número de animales mellizos existentes en la población. Este hecho podría enmascarar el efecto, como lo sucedido en el estudio de Bado y Urrutia (1991), quienes manejaron una población de 40 animales en su estimación, y el efecto dio no significativo. Sin embargo, la principal razón fue el desbalance en el número de mellizos presentes en los diferentes lotes y años.

Por su parte, el sexo del animal, que ha demostrado generar diferencias significativas a favor de los machos, (Turner, 1961; Gregory y Ponzoni, 1981; Ducassou y Maisterra, 1996) no pudo ser considerado en este trabajo por no contar con registros productivos de hembras.

La no inclusión de estos efectos en el modelo de evaluación puede hacer que algunos animales aparezcan en ventaja frente a otros, y por lo tanto, la estimación de su mérito genético pueda ser sobrestimada. Esto alerta sobre la necesidad de definir políticas de registración adecuadas, por parte de los técnicos, de forma tal de asegurarse que los productores registren todos aquellos eventos de la vida del animal que pueden tener influencia directa sobre la producción, y a su vez, demostrar a éstos

los beneficios económicos y productivos del sacrificio extra que esta política implicaría.

b.2) Estructura de la Matriz de Parentesco. Si bien, no es un requisito del BLUP contar con una matriz de parentesco completa, esto sería lo ideal. En este caso la matriz utilizada, aunque no es completa, cuenta con un 77% de los animales que tienen información de pedigrí completa. Este porcentaje es considerablemente alto, si consideramos que, en la práctica no siempre es una información obvia de obtener.

Sin embargo, la identificación correcta de progenitores constituyó una limitante clave en los datos. Esto se tradujo en animales que tenían escasa o nula conexión genética con el resto de la población, y en consecuencia no pudieron ser evaluados, o bien, presentaron precisiones muy bajas. Esto queda en evidencia, si consideramos que 750 animales de un total de 5501 (13.6%), no fueron evaluados por no estar emparentados con individuos que contaran con registro productivo.

El problema de la identificación de padres, y de las diferentes denominaciones que existían en cada uno de los archivos (genealógico y productivo) y entre años, constituyó la principal limitante para el adecuado uso del parentesco. Los padres son los que permiten relacionar genéticamente un mayor número de animales. Esta limitante, en la actualidad no está acotada a los ovinos, sino que también se da en vacunos de carne y leche. Las dificultades de registración aumentan en la medida que las condiciones de explotación son más extensivas.

Los aspectos vertidos fueron la causa de que un total de 4751 animales se hayan evaluado a partir de un número de registros fenotípicos considerablemente menor, 895 animales con al menos el dato de una de las tres características. Un volumen importante de los registros productivos no se tuvo en cuenta (entre un 40 y 50 %), siendo la principal causa, la falta de consistencia entre los datos productivos y genealógicos, representando ésta entre un 10 y un 15 % del total de datos eliminados, dependiendo de la característica.

Esto llevó a que prácticamente el 50% de los animales evaluados (2253) basaran sus predicciones en registros productivos de animales con los tenían un grado de parentesco del 25%, y un 34% lo hiciera en base a parentescos del 50%.

Esta limitante explica, en parte, los bajos valores de precisión obtenidos en las predicciones de los valores de cría. La precisión de las estimaciones está afectada por la heredabilidad de la característica, las correlaciones genéticas entre las características consideradas, y el grado de parentesco entre el animal evaluado y la fuente de información. Las mayores precisiones, entonces, fueron obtenidas en animales que presentaban el registro productivo de las tres características, y que, además, contaban con información de sus parientes (padres, hijos, medio-hermanos).

Entre el 77 y 82 % de las estimaciones tienen una precisión que va de 0.1 a

0.5, dependiendo de la característica, mientras que un 2 a un 5 % tienen precisiones menores a 0.1. Como se observa en la Figura N° 2, y en el Cuadro N°15, los machos presentan en promedio valores de precisión más altos que las hembras, lo cual guarda relación con el hecho de que las hembras no cuentan con registro propio de ninguna de las tres características y por lo tanto, sus estimaciones dependen exclusivamente del parentesco con animales que si lo posean. Mientras que los machos presentan valores de precisión superiores a 0.8, las hembras no superan precisiones de 0.6.

A raíz de estos resultados, deberían incluirse, en futuros trabajos, los registros de peso de vellón sucio de las hembras, como carácter indirecto en las evaluaciones, y así aumentar la precisión de sus estimaciones (esta característica presenta alta correlación genética con el peso de vellón limpio, y alta heredabilidad). La medición de dicha característica en condiciones de producción, no produce aumentos importantes en los costos, aspecto decisivo al momento de decidir qué animales medir y cuáles características.

La Figura N° 2, muestra una doble distribución en las precisiones de los machos, con un doble pico. Esta se explica por la diferencia en la fuente de información con la que cada animal macho contaba. De 55 padres evaluados, 15 presentaban registro productivo propio y 11 de éstos además tenían hijos con dato.

Las consideraciones realizadas constatan la necesidad de una base de datos adecuada para este tipo de trabajos, que permita potencializar las ventajas del uso de la metodología BLUP. Si bien ésta ha demostrado su potencial como metodología de evaluación, hasta en sus formas más sencillas, como las desarrolladas en este trabajo, la precisión de sus predicciones depende de la información que se recabe a nivel de cada establecimiento.

5.2.- CORRELACIÓN ENTRE EL INDICE BLUP Y EL INDICE S.U.L.

El **IB** fue construido a partir del trabajo de Scheneberger et al. (1992), quienes aplicaron la metodología de modelos mixtos a la construcción de índices de selección, utilizando valores de cría estimados con el Modelo Animal. Esta metodología, como tal, se aplicó por primera vez en el país en este trabajo.

La comparación entre las estimaciones del **IB** y el **IS**, arrojaron correlaciones de rango que varían desde 0.56 a 0.94, dependiendo del lote y del año. Al analizar la posibilidad de que las bajas correlaciones se relacionaran en forma directa con el número de animales del lote, no se encontró una fundamentación clara. Los valores de correlación no se distribuyeron siguiendo un patrón definido.

Aunque los valores son de medios a altos, el ordenamiento de animales realizado por cada uno de los índices es diferente, lo que implica que si se eligiera un determinado porcentaje de reemplazos por año, considerando el valor de cada uno de los índices, los animales seleccionados no serían los mismos.

En teoría el BLUP es mejor predictor de los valores genéticos que el BLP. Por lo tanto, si las correlaciones se apartan de 1, estaría indicando pérdida de eficiencia en el uso del **IS**, principalmente desde el punto de vista del progreso genético.

Las limitaciones del Modelo Animal - BLUP ya fueron discutidas, sin embargo, las mismas también se presentan en el **IS**. Los registros productivos utilizados no son previamente corregidos por los efectos fijos, como lo requiere específicamente la metodología BLP, debido básicamente a la falta de datos que permita realizar una adecuada cuantificación de los mismos, por lo que el modelo operacional definido tampoco es el ideal. Por otro lado, los índices de selección también suponen el uso de parámetros verdaderos en las estimaciones, aspecto ya discutido. Es decir, que considerando estos aspectos no pueden extraerse conclusiones sobre la superioridad de un método sobre el otro, ya que ambos presentan las mismas debilidades.

La principal diferencia y ventaja del **IB** frente al **IS**, radica en la consideración por parte del **IB**, de animales que no cuentan con registros productivos propios, pero sin embargo, tienen los valores de cría estimados para cada característica. En el caso del **IS**, éste se calcula solo en aquellos casos en que el animal presenta los datos de las tres características. Esto genera una limitante en el total de animales que quedan valorados por lote y año con este método. Una vez más, el aumento del número de animales valorados genéticamente incrementa la intensidad de selección factible de aplicar.

Además, se debe tener en cuenta que los datos que se consideran en el **IS** son los fenotípicos, los cuales tienen el sesgo de la selección previa que se realiza de las muestras analizadas. Por lo que y, de acuerdo a las correlaciones genéticas entre las características, al utilizar solo aquellos animales de alto peso de vellón sucio se

corre el riesgo de sobrestimar el mérito genético de los animales, y dejar fuera animales que tengan buena aptitud genética para producir. El hecho de obtener registros con buenos pesos de vellón sucio no es indicativo de una mayor capacidad genética.

Otra ventaja de los **IB**, frente a los **IS**, es que permiten, por la metodología de estimación utilizada en uno y otro caso, la comparación de los valores obtenidos entre animales pertenecientes a diferentes lotes y años, siempre que haya conexión genética entre los mismos, como ya se hizo referencia.

5.3.- ESTIMACION DE TENDENCIAS FENOTIPICAS Y GENETICAS

La observación de las **tendencias fenotípicas** con respecto a las genéticas, para cada una de las características, muestra como el ambiente puede tener una acción positiva o negativa sobre el registro del individuo, condicionando la expresión genética del mismo.

En el PVL, las tendencias fenotípicas son significativas y negativas, mientras que las genéticas, si bien no son significativas, son positivas para cualquiera de los tres métodos de estimación utilizado. En las Figuras N° 4 y 5, se ve que mientras en el año 1991 el promedio fenotípico es marcadamente negativo, el promedio genético es positivo y alto, demostrando claramente una acción negativa del ambiente, que limita la manifestación del potencial genético. Contrariamente, en el año 1993, el ambiente actúa en forma favorable, enmascarando así el promedio genético real.

Para el diámetro de fibra, las tendencias fenotípicas son positivas, mientras que las tendencias genéticas son significativas y negativas para el **MA1**, no significativas negativas para **MA2**, y positivas para **MPU**. Esta característica, a pesar de tener alta heredabilidad (0.45), se ve afectada por alteraciones alimenticias, reproductivas o climáticas, lo cual queda en evidencia en el año 1989. En este año, cualquiera de los métodos de estimación de las tendencias genéticas, muestra un promedio alto y positivo, y sin embargo, el promedio fenotípico muestra un valor comparativamente inferior de diámetro que el resto de los años explicado, en parte, por la fuerte sequía (Figuras N° 4 y 5).

Las tendencias fenotípicas para PC son significativas y positivas, mientras que las genéticas son negativas para **MA1** y **MA2**, y positivas para **MPU**. El año 1990, es un claro ejemplo de la acción negativa del ambiente sobre la expresión del potencial genético (Figura N° 5).

Las consideraciones vertidas, demuestran cómo las mediciones en los individuos, aunque objetivas, no son necesariamente un buen indicador de su capacidad genética para producir.

Las **tendencias genéticas** estimadas por los tres métodos no fueron significativas para peso de vellón limpio y peso corporal, es decir, mostraron el mismo comportamiento independientemente del método de estimación utilizado. Por el contrario, el diámetro de fibra resultó significativo negativo para el MA1, y no significativo para los restantes métodos.

Ahora bien, a pesar de que la significancia fue la misma, las tasas de ganancia anual, así como el signo de las mismas mostraron cierta variación entre métodos. Estos resultados estarían avalando el hecho de que la elección del modelo de estimación, así como el método de predicción de los valores de cría, condicionan el valor de los mismos, y por lo tanto las estimaciones del progreso genético, como lo sugirió Smith (1988).

La principal diferencia entre los métodos de estimación radica en la manera en que cada uno de ellos interpreta los datos. Las diferencias más marcadas se dieron entre los métodos que aplicaron modelo animal y el método con modelo padre.

Mientras las tendencias con modelo animal multivariado presentan las características antes mencionadas, las estimaciones con *modelo padre* tienen las limitantes propias del modelo aplicado, que son (Jurado y Díaz, 1995; Jurado y Carabaño, 1995):

- no considera la contribución de las hembras al genotipo de su progenie, lo que tiene consecuencias sobre el sesgo de las estimaciones, ya que supone apareamientos aleatorios e ignora la selección en hembras.
- no asume cambios en la media y la varianza de la población debidos a selección y consanguinidad.
- supone que no existen parentescos en hembras y machos, ni entre ellos.
- supone que la progenie de un padre está compuesta estrictamente por medio hermanos.

Las estimaciones por modelo padre dependen exclusivamente de los registros fenotípicos existentes, lo que reduce, en forma importante, el número de datos utilizado para las estimaciones. A su vez, la incidencia que tiene en las estimaciones el número de padres utilizado por año, y su valor genético es mucho mayor en este modelo. Los años que presentan promedios muy por debajo o por encima del resto, se corresponden en general con años en los que el número de padres utilizado es bajo (entre 9 y 11 padres), y por lo tanto el valor de cría de cada uno incidirá en los promedios obtenidos, porque el número de hijos por padre es más alto. El valor de cría del DF promedio obtenido en el año 1993, muy por debajo de los otros años, se explica en parte, por el número reducido de padres utilizado ese año, un total de 9, teniendo 4 de ellos valores de cría negativos para DF, representando un porcentaje

elevado de los hijos nacidos ese año. Lo mismo sucede en el año 1989 para PVL, y 1991 y 1992 para PC.

Si además agregamos que es un modelo univariado, las diferencias se acentúan, ya que al no considerar las correlaciones entre características, el número de animales utilizados para las estimaciones de los valores de cría de los padres se reduce considerablemente, y los registros considerados tienen el sesgo de la selección previa. Si bien, el modelo animal multivariado se basa en el mismo conjunto de datos, el uso de las correlaciones genéticas entre las características merman este efecto.

La utilización de poblaciones pequeñas en las estimaciones, lleva a que por azar algunos años aparezcan en promedio como buenos, y otros malos. Si observamos las Figuras 4 y 5, podemos ver que las diferencias más notorias entre las tendencias del modelo animal y padre se dan en aquellos años en que el número de datos considerado por el modelo padre es considerablemente más bajo que el utilizado por el modelo animal, como lo son el año 1986 (entre 72 y 75 datos, dependiendo de la característica contra 333 promediados con el modelo animal) y 1993 (de 17 a 19 datos contra 317).

En síntesis, el reducido tamaño de la población utilizada en este trabajo, y el bajo número de datos con que se realizaron las estimaciones, llevó a que las tendencias genéticas, independientemente del método de estimación, muestren oscilaciones entre años.

La comparación de las estimaciones realizadas por el MA1 y el MA2, muestra que ambas presentaron similares tasas de ganancia promedio para la características DF y PC, mientras que en PVL, las mismas se diferenciaron claramente. Las bajas precisiones promedio obtenidas en las predicciones de los valores de cría por modelo animal, indican que los mismos pueden ser en realidad muy diferentes al valor estimado, presentando un rango de variación muy amplio, tanto hacia un lado como hacia el otro. El conocimiento de esto motivó la realización de las estimaciones con el MA2, de forma de no ponderar en la estimación de las tendencias, de igual manera, valores de cría estimados con alta y baja confiabilidad. Aunque los resultados fueron iguales, a excepción del diámetro de fibra, se puede constatar que las tendencias del MA1 se acercan más a la media de cada característica. La falta de una matriz de parentesco completa, lleva a que los valores de cría predichos tiendan a la media del valor genético de la población, para la característica que se está evaluando.

Si analizamos las tasas de ganancia obtenidas, como porcentaje de la media, podemos ver que para las tres características, e independientemente del método de estimación, los porcentajes están por debajo del 1%, valor mencionado en la bibliografía como posible de ser alcanzado bajo selección.

Sin embargo las ganancias anuales están dentro de los rangos mencionados

por otros autores nacionales. En PVL se calculó una tasa anual de 5 g/año con el MA2 y MPU, y de 0.4 g/año con MA1, contra 2.5 g/año obtenidos por Cardellino (1992), y 4.2 g/año de PVS logrados por Mendiando y Urioste (1992). En DF se obtuvieron tasas de ganancia de -0.012 μ /año, con MA1 y MA2, y +0.013 μ /año con MPU, mientras que las encontradas por Cardellino fueron de -0.05 μ /año. Por su parte, el PC mostró tasas negativas en MA1 y MA2, del orden de los 21 g/año, y positivas en MPU de 122 g/año, contra estimaciones de +65.5 g/año y +1.2 g/año de Cardellino (1992), y de 23 g/año de Mendiando y Urioste (1992).

Los valores de progreso genético obtenidos durante el periodo considerado llaman la atención, si tenemos en cuenta que se trata de una cabaña en la que el cabañero pone especial cuidado en los aspectos genéticos, al momento de seleccionar y aparear, sin lograr avances genéticos significativos en ninguna de las características. Sin embargo, no debemos ignorar que existen aspectos ajenos a la política seguida por el productor, y que sí condicionan el avance genético que se logre. Las condiciones de mercado pueden requerir en determinados periodos de animales pesados y en otros de animales de lana fina, lo que obliga al cabañero a cambiar de criterios de selección rápidamente. A su vez, la tasa reproductiva y la demanda, condicionan la disponibilidad de animales por año de la cabaña, no pudiéndose aplicar la misma presión de selección todos los años, y en consecuencia el diferencial de selección puede no ser siempre el deseado.

Han sido analizadas, por diferentes autores, posibles causas que tienden a explicar las diferencias entre el Progreso Genético Logrado y el Esperado. Algunas de ellas, las que más se adecuan a este trabajo, se citan a continuación:

- los sesgos que se suceden en las predicciones de los valores de cría, debidas al modelo y métodos aplicado, se traducen en valores de progreso genético también sesgados. La utilización de datos de campo dificulta el cumplimiento de los supuestos sobre los que se basan las predicciones (James, 1987).
- los modelos disponibles no permiten tener en cuenta las interacciones que se dan entre el genotipo y el ambiente, lo cual de acuerdo a lo manifestado por Cardellino y Rovira (1987) puede ser una de las causantes de la pérdida de ganancia genética de una generación a otra, porque no necesariamente la respuesta lograda en una generación se pone de manifiesto en el ambiente en que se desarrolla la siguiente.
- el tamaño de la población, así como la relación entre sexos y las tasas reproductivas están afectando la intensidad de selección y la precisión que pueda lograrse. Estas, en la práctica son menores debido a que la selección no es estrictamente por truncación, y a que los individuos seleccionados no contribuyen todos por igual a la próxima generación (Cardellino y Rovira, 1987).
- los datos utilizados en este trabajo, como ya se mencionó, presentan un sesgo, debido en primera instancia, al refugio inicial que se realiza por caracteres

secundarios, y por un problema de costos (no se envían los datos de todos los animales), y en segunda instancia, a la selección de muestras para analizar en laboratorio.

- en estimaciones realizadas con datos de campo, la selección natural puede ejercer una acción opuesta a la selección artificial sobre una característica determinada.
- el logro de las ganancias potenciales dependerá de la eficiencia en el uso de la información en las estrategias de apareamiento, del intervalo generacional, y del número de características que se tengan en cuenta en la selección.

6.- CONCLUSIONES

a) La predicción de valores de cría mediante la aplicación de un modelo animal con metodología BLUP es aplicable a los ovinos, constituyendo este trabajo uno de los pioneros en la metodología de análisis utilizada en esta especie.

b) En términos generales, los valores de cría obtenidos están dentro del rango encontrado en estimaciones nacionales para las distintas razas, con una media para PVL de +32 g, para DF de +0.081 μ , y para PC de +153 g.

c) La fuente de información, tanto en calidad como en cantidad, es decisiva para la predicción de valores de cría de alta precisión. Quedó demostrado en este trabajo que la base de datos constituye, en la actualidad, la principal limitante para poder hacer un uso más eficiente de los beneficios de la metodología BLUP, y obtener alta precisión en las predicciones.

d) Las precisiones obtenidas en las predicciones de los valores de cría presentaron diferencias importantes entre machos y hembras, siendo la principal causa de esto la falta de registros fenotípicos de hembras. Esta comprobación alerta sobre la posibilidad de incluir en futuros trabajos registros productivos de hembras, aunque sea de características de fácil medición, como el PVS.

e) La aplicación de un método de evaluación complejo, con uso de información de parientes y estimación de efectos fijos requiere de un sistema de registración definido. La información disponible en este trabajo presentó algunas carencias e inconsistencias entre los datos que llevó a la pérdida de un considerable porcentaje de registros productivos y genealógicos. Los criterios de limpieza asumidos, si bien pueden ser discutibles, buscaron mantener coherencia entre los datos.

Esto lleva a pensar en la posibilidad de que los resultados obtenidos subestimen las virtudes del BLUP como predictor de los valores de cría.

f) La información es contundente en señalar que datos tales como tipo de nacimiento, padre, madre, fecha de nacimiento, edad de la madre, edad a la esquila, etc., deberían ser considerados en el modelo de evaluación. La registración de estos eventos implicaría un beneficio en cualquier metodología de análisis, independientemente de su complejidad, ya que colabora con una mejor definición del modelo a utilizar.

g) La identificación adecuada de los padres constituye, en la actualidad, la principal limitante en las evaluaciones genéticas, tanto intra rodeo como nacionales.

h) La comparación entre las estimaciones realizadas con el IS y el IB, dio correlaciones distintas de 1, lo que implica un ordenamiento de animales diferente.

Desde el punto de vista metodológico el **IB** se presenta como el más adecuado. Sin embargo la necesidad de una base de datos completa, que permita cuantificar los efectos fijos, y realizar una correcta identificación de la genealogía de los animales, condiciona su utilización.

i) Los rangos de correlación obtenidos no son dependientes del número de animales que integran el lote, ni del año.

j) Dada la forma de cálculo utilizada, la diferencia más notoria entre el ordenamiento de animales realizado por cada uno de los índices radica en la posibilidad que brinda el uso del **IB**, de incluir dentro de éstos animales sin registro productivo propio aumentando el número de individuos ranqueados, así como la de seleccionar animales que pertenecen a diferentes lotes y años de nacimiento.

k) Las tendencias genéticas de PVL y PC estimadas en el presente trabajo no resultaron significativas para el periodo considerado, independientemente del método de estimación utilizado. El DF, por su parte, resultó significativo negativo con el método MA1, y no significativo con los restantes métodos.

A pesar de que la significancia de las tendencias fue la misma para los distintos métodos, la magnitud y el signo de la pendiente presentó diferencias, principalmente entre el método que utilizó modelo padre y los que aplicaron modelo animal. Esto demuestra la dependencia que los resultados tienen del modelo y método de estimación de los valores de cría, así como del criterio asumido para la estimación de la misma.

l) La estimación de tendencias genéticas con modelo padre tiene una mayor dependencia del número de padres utilizado por año, y del valor de cría de los mismos, y dependen exclusivamente de los registros fenotípicos con que se cuente para las estimaciones.

II) Las ganancias genéticas obtenidas para las tres características están por debajo de lo que potencialmente puede obtenerse a través de la selección, según la bibliografía consultada.

m) La utilización de un modelo multivariado para la predicción de los valores de cría tiende a reducir el efecto producido por el uso de datos fenotípicos sesgados, como los utilizados en este trabajo, ya que contempla las correlaciones entre las características.

n) Como futuras líneas a desarrollar en el área de la genética animal debería incluirse el estudio de los efectos ambientales y sus interacciones, de forma de mejorar los modelos aplicados en las estimaciones, así como posibles factores de corrección para cada uno de ellos. El banco de datos nacional, existente actualmente,

carece en muchos casos de información genealógica completa, especialmente en la identificación de los padres, y no siempre están disponibles datos como tipo y fecha de nacimiento, edad de la madre, etc.. La recolección de un mayor y más completo número de datos llevará implícito un aumento en la precisión de las estimaciones.

o) Comentarios finales:

- Se han desarrollado a nivel mundial, en los últimos años, metodologías estadísticas tendientes a mejorar la precisión de las evaluaciones genéticas, reseña descripta en la revisión de este trabajo. En nuestro país se realizan evaluaciones con aplicación de un modelo animal y metodología BLUP en ganado de leche y carne desde hace algunos años. Sin embargo el rubro ovino no ha acompañado esta evolución. En la actualidad, en el mejor de los casos, se utiliza el índice de selección del S.U.L. como criterio para la selección de reemplazos y reproductores. Los resultados obtenidos en el presente trabajo, si bien no son concluyentes, constatan la necesidad de una definición clara de los criterios de registración que deben aplicarse, así como la información que debe ser recabada a nivel de campo por parte de los productores. La difusión a productores y cabañeros de los momentos y la forma de registrar los eventos y características relevantes resulta prioritario. A su vez, es tarea de los técnicos dar respuesta a los productores sobre los beneficios que este trabajo extra significa para la mejora real de su majada.

- En nuestro país, actualmente, se cuenta con las Centrales de Prueba. Una acción rápida y de alto impacto, por la estructura jerárquica que existe, implicaría la toma de registros, en las cabañas vinculadas a las mismas, de la información que se está recabando en las centrales, de manera tal de poder conectar las cabañas con éstas. Por su parte, el uso de cameros de referencia constituye una línea prioritaria para obtener, en un futuro inmediato, evaluaciones genéticas nacionales de las majadas ovinas de nuestro país.

- Las condiciones del mercado lanero que se vienen dando en los últimos años, donde la preocupación de los productores ha pasado por aumentar la eficiencia del rubro, ha llevado a la diversificación de éste hacia la producción de carne. La importancia que los aspectos reproductivos adquieren en esa producción, llevan a replantearse el peso relativo que se les ha venido asignando a éstas en las evaluaciones genéticas. A raíz de esto, resulta importante analizar nuevamente los objetivos de selección que se están utilizando en el actual índice de selección.

7.- RESUMEN

Se analizaron 671 registros de peso de vellón limpio (PVL), 671 de diámetro de fibra (DF) y 841 de peso corporal (PC), provenientes de 895 borregos de raza Ideal, nacidos entre los años 1986 y 1993, pertenecientes a la cabaña 'Santa Ana'.

Los objetivos del análisis fueron: a) Obtener estimaciones BLUP de los valores de cría para las características PVL, DF y PC, utilizando un modelo animal multivariado. b) Comparar los ranking de padres obtenidos por el Índice de Selección del S.U.L. con un índice que combine los valores de cría estimados. c) Estimar tendencias genéticas para PVL, DF y PC, para la cabaña analizada.

Se obtuvo la estimación de los valores de cría y sus respectivas precisiones de estimación de 4751 animales a partir de la información genealógica y los datos productivos aportados por la cabaña. El modelo de análisis incluyó el efecto fijo del año-lote de manejo-mes de nacimiento, el efecto aleatorio del valor de cría del animal y el efecto aleatorio del error. Los parámetros genéticos utilizados en el análisis fueron iguales a los utilizados por el S.U.L. para la estimación de los índices de selección utilizados en el Servicio de Flock Testing.

La obtención de un índice de selección combinando los valores de cría estimados se realizó siguiendo los procedimientos propuestos por Schneeberger et al. (1992). Los valores económicos asignados a PVL, DF y PC fueron iguales a los utilizados por el S.U.L. para la construcción del índice que propone el Servicio de Flock Testing para ser utilizado por criadores de razas de lana fina. Las correlaciones de rango realizadas entre ambos índices tuvieron un valor promedio de 0,74, con valores mínimos de 0,56 y máximos de 0,90.

Se realizaron estimaciones de tendencias genéticas para PVL, DF y PC, utilizando: a) los promedios de los valores de cría estimados según año de nacimiento de todos los animales evaluados; b) los promedios de los valores de cría estimados de aquellos animales con registro propio y/o progenie con registro propio, según año de nacimiento; c) el promedio de los valores de cría estimados de los padres, ponderado por el número de hijos, según año de nacimiento de los hijos, con valores de cría estimados a partir del análisis de un modelo padre univariado para cada una de las características. En todos los casos las tendencias genéticas estimadas no resultaron significativas, excepto para DF utilizando el análisis descrito en a).

Se hace referencia a las posibles causas de la diferencia entre la respuesta esperada y lograda. Se discute la importancia de la cantidad y calidad de la información genealógica y productiva en las evaluaciones genéticas.

8.- SUMMARY

671 records of clean fleece weight (CFW), with fiber diameter (FD) 671 and body weight (BW) 841, from 895 lambs of the Ideal breed, born between the years 1986 and 1993, belong to the "Santa Ana" pure breed farm, were analyzed.

The analysis objectives were: a) to obtain BLUP estimations of breeding values for the traits CFW, FD and BW using a multivariate animal model. b) To compare the sires' rankings obtained by the S.U.L. selection index with an index combining the estimated breeding values. c) To estimate genetic trends for CFW, FD and BW for the studied farm.

The estimations of breeding values of 4751 animals and their respective precisions were obtained from the genealogy data and the production data submitted by the farm. The analysis model included the fixed effect of year-lot-birth month, the random effect of the animal breeding value and the random effect of the error. The genetic parameters used in the analysis were the same as those used by S.U.L. for the estimation of the selection index in the Flock Testing Service.

The obtention of a selection index combining predicted breeding values was done following the procedures proposed by Schneeberger et al. (1992). The economic values assigned to CFW, FD and BW were the same as those used by S.U.L. for the design of the index proposed by the Flock Testing Service to be used by the breeders of fine wool breeds. The rank correlations established between both indexes had a mean value of 0.74, with minimum values of 0.56 and maximum values of 0.90.

Genetic trends were estimated for CFW, FD and BW employing: a) the breeding values averages according to year of birth of all the evaluated animals; b) the averages of the estimated breeding values for those animals with an individual record and/or offspring with individual record according to year of birth; c) the average of the estimated sires' breeding values, considering the number of the offspring, according to year of birth of the offspring, with breeding values estimated from the analysis of a univariate sire model for every trait. In all cases the estimated genetic trends were statistical not significant, except for FD using the analysis described in a).

Reference is made to the possible causes of the difference between the expected response and the obtained one. The importance of quantity and quality of genealogical and productive information in the genetic evaluations is discussed.

9.- BIBLIOGRAFIA

1. ALENDA, R.; BEJAR, F. 1995. Predicción del valor genético: métodos. In Bases de producción animal. Madrid. Mundi, Prensa.
2. ALONSO, A. ; ALENDA, R. 1989. Programas de selección. Ovis. Nº 5: 11-30
3. ATKINS, K.D. 1987. Potencial responses to selection in Merino sheep given current industry structure and selection practices. In National Symposium Merino Improvement Programs in Australia. (1987, Leura, NSW, Australia).Proceedings. pp: 297-312.
4. ATKINS, K. D.; McGUIRK, B. J.; THOMPSON, R. 1986. Intra-flock genetic improvement programmes in sheep and goats. In World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (3th, 1986, Lincoln, Nebraska). Proceedings. V.9 pp. 605 - 618.
5. ATKINS, K.D.; CASEY, A.D. 1994. Recent developments in woolsheep breeding. In World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. (5th, 1994, Guelph, Ontario, Canadá) Proceedings. V.18 pp. 23 - 30.
6. BADO, M. V.; URRUTIA, A. C. 1991. Efecto del tipo de nacimiento y del nivel nutritivo pre y post destete en el peso vivo y producción de lana de borregos. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay, Facultad de Agronomía.146p
7. BANKS, R. G. 1987. The breeding structure of the Merino industry and its influence on genetic progress. In National Symposium Merino Improvement Programs in Australia. (1987, Leura, NSW, Australia). Proceedings. pp: 125-135
8. BRASH, L.D; FOGARTY, N.M; BARWICK, S. A; GILMOUR, A. R. 1994. Genetic parameters for Australian Maternal and Dual- purpose Meatsheep Breeds. I- Liveweight, Wool production and Reproduction in Border Leicester and related types. Australian Journal of Agricultural Research. 45 (2): 481 - 486.
9. CAMERON, N.D. 1997. Prediction of breeding values and environmental effects. In Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding. Cab International. pp: 121-134.
10. CAPURRO, G. 1986. Registros de performance - la situación en Uruguay. In Seminario de mejoramiento genético en lanares (1986, Colonia Suiza). Secretariado Uruguayo de la Lana. pp. 151 - 156.
11. CARABAÑO, M. J.; ALENDA, R. 1990. Serving several species with animal models. In World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. (4th,1990,Edinburgh). Proceedings. V.13 pp. 394 - 399

12. CARABAÑO, M.J.; DIAZ, C. 1995. Predicción del valor genético: BLUP - modelo animal y sus aplicaciones. In Zootecnia. Bases de producción animal. Madrid,undi, Prensa. T.4 cap.7
13. CARDELLINO, R.A. 1992. Respuesta a la selección de ovinos: su medición y datos nacionales. In Seminario sobre Mejoramiento Genético en Lanares, (2th, 1992, Piriápolis, Maldonado). SUL. pp. 147 - 156.
14. CARDELLINO, R.C. 1979. Sheep Breeding in Uruguay. In Sheep breeding. 2 ed. London, Butterworths. pp. 77-84.
15. CARDELLINO, R.C. 1991. Los programas de mejoramiento genético ovino en el Uruguay. In Foro de Mejoramiento Genético Animal en el Uruguay, Resúmenes. INIA. Montevideo. Serie Técnica N° 12. pp. 36 - 38.
16. CARDELLINO, R.C. 1992. El servicio de Flock - Testing en el Uruguay. Situación actual y perspectivas. In Seminario sobre Mejoramiento Genético en Lanares, (2th, 1992, Piriápolis, Maldonado). SUL. pp. 197 - 215.
17. CARDELLINO, R.C. 1994. Evaluación de carneros en Centrales de Prueba de Progenie. In Lana Noticias, Secretariado Uruguayo de la Lana. pp. 7 - 10.
18. CARDELLINO, R.; PONZONI, R. 1985. Definición de los objetivos del mejoramiento genético e índices de selección. In Seminario Técnico de Producción Ovina (2th, 1985, Salto, Uruguay). SUL. pp. 65 - 83.
19. CARDELLINO, R.; ROVIRA, J. 1987. Mejoramiento genético animal. Montevideo, Hemisferio Sur. 251pp.
20. CARRIQUIRY, A. L. 1991. Aspectos estadísticos y computacionales de la evaluación genética de reproductores. In Foro de Mejoramiento Genético Animal en el Uruguay, Resúmenes. INIA. Montevideo. Serie Técnica N° 12. pp. 11 - 13.
21. DUCASSOU, R.; MAISTERRA, J. 1996. Pruebas de progenie en la raza Merilín como una alternativa de mejoramiento genético. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay, Facultad de Agronomía. 104p
22. DUVOS, G.I.; MARQUES, I.M. 1991. Estudio de tendencias genéticas en vacunos. Tesis Ing. Agr., Montevideo, Uruguay, Facultad de Agronomía. 83p
23. FALCONER, D.S. 1981. Introduction to quantitative genetics. 2 ed. London, Longman, 340 p.
24. FOGARTY, N.M.. 1995. Genetic parameters for live weight, fat and muscle measurements, wool production and reproduction in sheep: a review. Australian Breeding Abstracts. 63(3): 101 - 143.

25. GAYO, J.C.; MUÑOZ, G.R.. 1988. Estudio de tendencias genéticas en un rodeo Hereford y otro Aberdeen Angus bajo selección. Tesis Ing. Agr., Montevideo, Uruguay, Facultad de Agronomía. 71p
26. GIANOLA, D.; IM, S.; MACEDO, F.W.. 1990. A Framework for Prediction of Breeding Value. In *Advances in Statistical Methods for Genetic Improvement of Livestock*. Advanced Series in Agricultural Sciences 18. Eds. Gianola, D. y Hammond, K. pp. 210 - 234.
27. GIANOLA, D.. 1991. Teoría de la evaluación genética de reproductores y su aplicación en países desarrollados. In *Foro de Mejoramiento Genético Animal en el Uruguay, Resúmenes*. INIA. Montevideo. Serie Técnica N° 12. pp. 6 - 10.
28. GONZALEZ, G.E.. 1982. Factors affecting estimates of genetic parameters for economic traits in sheep. University of California, Davis. Ph.D. Dissertation, 207 p.
29. GONZALEZ, G. E.. 1991. Principios y estrategias del mejoramiento genético en ovinos. In *Foro de Mejoramiento Genético Animal en el Uruguay, Resúmenes*. INIA. Montevideo. Serie Técnica N° 12. pp. 30 - 33.
30. GREGORY, J.P.. 1982a. Genetics studies of South Australian Merino Sheep. III. Heritabilities of various wool and body traits. *Australian Journal of Agricultural Research*. 33 (2): 355 - 362.
31. GREGORY, J. P.. 1982b. Genetics studies of South Australian Merino Sheep. IV. Genetic, phenotypic and environmental correlations between various wool and body traits. *Australian Journal of Agricultural Research*. 33: 363 - 373.
32. GREGORY, J.P.; PONZONI, R.W.. 1981a. Genetics studies of South Australian Merino Sheep I. Genetic change in fleece and body traits. *Australian Journal of Agricultural Research*. 32 (4): 641 - 655.
33. GREGORY, J.P.; PONZONI, R.W.. 1981b. Genetics studies of South Australian Merino Sheep I. Environmental effects on wool and body traits of 15 - 16 months of age. *Australian Journal of Agricultural Research*. 32 (4): 657 - 667.
34. HANCOCK, T.W.; MAYO, O.; BRADY, R.E.. 1979. Response to partial selection on clean fleece weight in south australian strong - wool Merino sheep. IV - Genetic parameters. *Australian Journal of Agricultural Research*. 30(1) : 173 - 189.
35. HENDERSON, C.R.. 1973. Sire evaluation and genetic trends. In *Symposium in Honor of Dr. Jay L. Lush (1973, Champaign, Illinois)*. American Society of Animal Science and American Dairy Science Association. pp. 10 - 41.
36. HARRIS, D.L.. Breeding for efficiency in livestock production: definig the economic objectives. pp. 860-865

37. HENDERSON, C.R.. 1990. Statistical methods in animal improvement: Historical overview. In *Advances in statistical methods for genetic improvement of Livestock*. Advanced Series in Agricultural Sciences 18. Eds. Gianola, D. y Hammond, K. pp. 2 - 10.
38. JAMES, J.W.. 1986. Economic evaluation of breeding objectives in sheep and goats. General considerations, summary and commentary. In *World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, (3th, 1986, Lincoln, Nebraska). Proceedings. V9. pp: 470 - 478.
39. JAMES, J.W.. 1987a. Breeding objectives for the Merino industry: An academic perspective. In *National Symposium Merino Improvement Programs in Australia*. (1987, Leura, NSW, Australia). Proceedings. pp.19 - 24.
40. JAMES, J.W.. 1987b. Methods of estimating genetic change. In *National Symposium Merino Improvement Programs in Australia*. (1987, Leura, NSW, Australia). Proceedings. pp. 147 - 156.
41. JAMES, P.J.; PONZONI, R.W.; WALKLEY, J.R.W.; WHITELEY, K.J.. 1990. Genetic parameters for wool production and quality traits in South Australian Merinos of the Collinsville Family Group. *Australian Journal of Agricultural Research*. 41: 583 - 594.
42. JOHNSON, D.L.; GARRICK, D.J.. 1990. Data collection, processing and prediction of breeding values. In *World Congress on Genetics Applied to Livestock production* (4th, 1990, Edinburgh). Proceedings. V.15. pp. 337 - 346.
43. JURADO, J. J.; CARABAÑO, M. J.. 1989. Nuevas técnicas estadísticas en la mejora genética. *Ovis*. Nº 5: 41 - 52.
44. JURADO, J.J.; CARABAÑO, M.J.. 1995. Modelos Mixtos (1). Modelos Lineales y Evaluación de Reproductores. In *Curso Internacional sobre Mejora Genética Animal*. (5º, 1995, Madrid, España)
45. LAX, J.; JACKSON, N.. 1987. Genetic correlations and their effects on genetic progress in the Merino Industry. In *National Symposium Merino Improvement Programs in Australia*. (1987, Leura, NSW, Australia). Proceedings. pp. 207 - 218.
46. MAC LEOD, I.M.. 1992. Protocols of sire evaluation schemes. In *Merino sire evaluation in Australia (Recommendations on sire evaluation for the Australian Merino Industry)*. Ed. F. D. Brien, Melbourne. Wool Research and Development Corporation. pp. 1 - 16.
47. MAO, I.L.. 1984. Variation in dairy cattle population: causes and consequences. In *National Invitational Workshop on Genetic Improvement of Dairy Cattle*. (1984, Milwaukee, Wisconsin). Proceedings. pp. 25 - 43.

48. MENDIONDO, J.; URIOSTE, J.. 1991. Estimación de tendencias genéticas en peso de vellón sucio y peso del cuerpo en una cabaña Ideal. *Producción Ovina*. 4(1) : 117 - 128.
49. MORTIMER, S.. 1987. Australian estimates of genetic parameters for wool production and quality traits. In *National Symposium Merino Improvement Programs in Australia*. (1987, Leura, NSW, Australia). *Proceedings*. pp. 159 - 173.
50. MORTIMER, I.; ATKINS, K.. 1993. Genetic evaluation of production traits between and within flocks of Merino sheep. II: Components traits of the hogget fleece. *Australian Journal of Agricultural Research*. 44 (7): 1523 - 1539.
51. MULLANEY, P.D.; BROWN, G.H.; YOUNG, S.S.Y.; HYLAND, P.G.. 1970. Genetic and phenotypic parameters for wool characteristics in fine-wool Merino, Corriedale and Polwarth sheep. II. Phenotypic and genetic correlations, heritability, and repeatability. *Australian Journal of Agricultural Research*. 21 (3): 527 - 540.
52. NIZAMANI, A.H.; BERGER, P.J.. 1996. Genetic, breeding and modeling. Estimates of genetic trend of yield traits of the registered Jersey population. *Journal of Dairy Science*. 79 (3): 487 - 494.
53. NSOSO, S.J.; YOUNG, M.J.; BEATSON, P.R.; BELL, S.T.. 1994. Genetic and phenotypic parameters associated with lean tissue growth in Dorset Down sheep. *Proceedings of the New Zealand Society of Animal Production*. 54: 251 - 253.
54. PEÑAGARICANO, F.; VACCA, F. 1991.. Efecto de la edad de la madre, el tipo de nacimiento, y la fecha de nacimiento en el peso de vellón sucio. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay, Facultad de Agronomía. 101p
55. PONZONI, R.W.. 1973. Aspectos modernos de la producción ovina, Segunda contribución. Montevideo, Facultad de Agronomía, Estación Experimental Dr. Mario Cassinoni, 163 p.
56. PONZONI, R. W. 1982.. Breeding objectives in sheep improvement programmes. In *World Congress on Genetics Applied to Livestock Production* (2nd., 4-8 oct.1982, Madrid). *Sesiones plenarias*. pp. 619-633.
57. PONZONI, R.W.. 1986. Economic evaluation of breeding objectives in sheep and goats - summary and commentary. In *World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*, (3th, 1986, Lincoln, Nebraska). *Proceedings*.
58. PONZONI, R.W.. 1986a. Objetivos y criterios de selección en lanares. *Ovinos y lanas, Boletín Técnico*. 15: 79 - 94.
59. PONZONI, R.W.. 1986b. Registros de performance; la situación en Australia y Nueva Zelandia. *Ovinos y Lanas, Boletín técnico*. 15: 159 - 166.

60. PONZONI, R.W.. 1987. Woolplan - design and implications for the Merino industry. In National Symposium Merino Improvement Programs in Australia. (1987, Leura, NSW, Australia). Proceedings. pp. 25 - 40.
61. PONZONI, R. W.. 1988. The derivation of economic values combining income and expense in different ways: an example with Australian Merino sheep. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 105:143-153
62. PONZONI, R. W. ; NEWMAN, S.. 1989. Developing breeding objectives for australian beef cattle production. *Animal production* 49:35-47
63. PONZONI, R. W.. 1991. Breeding plans for tropical sheep - Getting Started. 162 pp.
64. PONZONI, R.W.. 1992. Perspectivas del Mejoramiento Genético de ovinos en el Uruguay. In Seminario sobre Mejoramiento Genético en Lanares, (2th, 1992, Piriápolis, Maldonado). SUL. pp. 217 - 229.
65. RAE, A.L.. 1982. Objectives in sheep breeding. In World Congress on Sheep and Cattle Breeding (1982, París, Francia). Proceedings. pp. 29 - 37.
66. REID, R.N.D.. 1987. A study of repeatability and heritability in Polwarth sheep. In National Symposium Merino Improvement Programs in Australia. (1987, Leura, NSW, Australia). Proceedings. pp. 181 - 183.
67. SCHNEEBERGER, M.; BARWICK S.A.; CROW, G.H.; HAMMOND, K.. 1992. Economic indices using breeding values predicted by BLUP. *Journal of Animal Breeding Genetics*. 109: 180 - 187
68. SCOTT, B.. 1987. Breeding objectives for the Merino industry: industry perspective. In National Symposium Merino Improvement Programs in Australia. (1987, Leura, NSW, Australia). Proceedings. pp. 15 - 18.
69. SMITH, C.. 1988. Checking rates of Genetic Response with new reproductive techniques. In World Congress on Sheep and Cattle Breeding (1982, París, Francia) Proceedings. pp. 159 -171.
70. S.A.S. Institute Inc. 1997. SAS/STAT. Software: Changes and Enhancements through Release 6.12, Cary, NC: SAS INSTITUTE INC. 1967p.
71. SORENSEN, D.A.; WANG, C.S.; JENSEN, J.; GIANOLA, D. 1994.. Bayesian analysis of genetic change due to selection using Gibbs sampling. *Genetica, Selection, Evolution*. 26: 333 - 360.

72. TURNER, HELEN. 1961.. Relationships among clean wool weight and its components. II: The effect of maternal handicap and its influence on selection. Australian Journal of Agricultural Research. 12 (5): 974- 991.
73. URIOSTE, J.; MENDIONDO, J.. 1992. Progreso Genético en Peso de Vellón (Socio y Peso del Cuerpo en una cabaña de raza Ideal. In Seminario sobre Mejoramiento Genético en Lanas, (2th, 1992, Piriápolis, Maldonado). SUL. pp. 157 - 165.
74. URIOSTE, J.. 1995. Bases para la definición de objetivos de selección en bovinos de carne. Montevideo, Facultad de Agronomía. 36 p. (Nota Técnica, 37)
75. VAN VLECK, L.D.; POLLAK, E.J.; OLTENACU, E.A.B.. 1993. Genetics for the animal sciences. New York. 381p.
76. VAN WIK, J.B.; ERASMUS, G.J.; OLIVIER, J.J.. 1994. Variance Component Estimates and Response to selection on BLUP of Breeding Values in Merino sheep. In World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, (5th, 1994, Guelph). Proceedings. V 18 pp. 31- 34.
77. WALKLEY , J.R.W.. 1987. Breeding and selection practices in ram breeding flocks and their influence on Genetic Progress. In National Symposium Merino Improvement Programs in Australia. (1987, Leura, NSW, Australia). Proceedings. pp. 138 - 146.

10.- ANEXOS

Cuadro N° 1- Estimaciones de heredabilidad para Peso de Vellón Limpio

HEREDABILIDAD	METODO DE ESTIMACION	AUTOR	RAZA
0.25 ± 0.05	Medio - Hermanos sin corregir	Gregory, 1982	Merino Australiano
0.26	Medio - Hermanos corregidos	Gregory, 1982	Merino Australiano
0.39 ± 0.13	Medio - Hermanos	James et al., 1980	Collinsville (Merino)
0.12 ± 0.09	Medio- Hermanos Indice Machos	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Mer.
0.33 ± 0.12	Medio - Hermanos Visual Masculino	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Mer.
0.20 ± 0.11	Medio - Hermanos Indice Femenino	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Mer.
0.32 ± 0.12	Medio - Hermanos Visual Femenino	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Mer.
0.37 ± 0.04	Regresión madre - hijo, sin corregir	Gregory, 1982	Merino Australiano
0.42	Regresión madre - hijo, corregidos	Gregory, 1982	Merino Australiano
0.29	Regresión madre - hijo	Mullaney et al., 1970	Merino (18 meses)
0.28	Regresión madre - hijo	Mullaney et al., 1970	Corriedale (18 meses)
0.30	Regresión madre - hijo	Mullaney et al., 1970	Polwarth (18 meses)
0.41	Regresión madre - hijo	Mullaney et al., 1970	Merino (30 meses)
0.29	Regresión madre - hijo	Mullaney et al., 1970	Corriedale (30 meses)
0.17 ± 0.10	Regresión padre-prog.: sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (17 meses)
0.36 ± 0.04	Regresión padre-hijo	Cardellino y Cardellino, 1992	Corriedale
0.50	Regresión madre - hijo	Mullaney et al., 1970	Polwarth (30 meses)
0.22 ± 0.11	Regresión padre - hijo: Ind. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Mer.
0.41 ± 0.08	Regresión padre - hijo: Vis. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Mer.
0.23 ± 0.09	Regresión padre - hijo: Ind. Femen.	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Mer.
0.31 ± 0.06	Regresión padre - hijo: Vis. Femen.	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Mer.
0.32 ± 0.08	Regresión intra padre: Ind. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Mer.
0.34 ± 0.07	Regresión intra padre: Vis. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Mer.
0.29 ± 0.08	Regresión intra padre: Ind. Femen.	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Mer.
0.38 ± 0.07	Regresión intra padre: Vis. Femen.	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Mer.
0.58 ± 0.07	Medio - Hermanos sin corregir	Gregory, 1982	Merino Australiano
0.52 ± 0.30	Regresión padre - progeñe: 3 meses sin corregir	Reid, 1987	Polwarth
0.54 ± 0.32	Regresión padre - prog.: corregidos	Reid, 1987	Polwarth (3 meses)
0.10 ± 0.11	Regresión padre - prog.: sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (11 meses)
0.22 ± 0.11	Regresión padre - prog.: corregidos	Reid, 1987	Polwarth (11 meses)
0.17 ± 0.10	Regresión padre - prog.: corregidos	Reid, 1987	Polwarth (17 meses)

Cuadro N° 2: Estimaciones de heredabilidad para Peso de Vellón Sucio

HEREDABILIDAD	METODO DE ESTIMACION	AUTOR	RAZA
0.27 ± 0.05	Medio-hermanos sin corregir	Gregory, 1982	Merino Australiano
0.27	Medio-hermanos corregidos	Gregory, 1982	Merino Australiano
0.34 ± 0.12	Medio-hermanos	James et al., 1993	Collinsville (Merino)
0.16 ± 0.10	Medio-hermanos : Indice machos	Hancock et al., 1979	South Austr. Strong-Wool Mer.
0.30 ± 0.11	Medio-hermanos : Visual machos	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.39 ± 0.14	Medio-hermanos : Indice Femenino	Hancock et al., 1979	S.A. Strong Wool Merino
0.40 ± 0.13	Medio - hermanos : Visual Femenino	Hancock et al., 1979	S.A. Strong Wool Merino
0.54 ± 0.04	Regresión Madre-hijo, sin corregir	Gregory, 1982	Merino Australiano
0.60	Regresión Madre-hijo, corregidos	Gregory, 1982	Merino Australiano
0.30	Regresión Madre-hijo, ani 18 meses.	Mullaney et al., 1970	Merino (18 meses)
0.22	Regresión Madre-hijo, ani 18 meses.	Mullaney et al., 1970	Corriedale (18 meses)
0.14	Regresión Madre-hijo, ani 18 meses.	Mullaney et al., 1970	Polwarth (18 meses)
0.51	Regresión Madre-hijo, ani 30 meses.	Mullaney et al., 1970	Merino (30 meses)
0.40	Regresión Madre-hijo, ani 30 meses.	Mullaney et al., 1970	Corriedale (30 meses)
0.19 ± 0.12	Regresión padre - prog.: corregidos	Reid, 1987	Polwarth (17 meses)
0.42 ± 0.04	Modelo animal en machos	Nsoso et al. (1994)	Dorset Down
0.26 ± 0.01	Modelo animal en hembras	Nsoso et al., 1994	Dorset Down
0.39	Regresión Madre-hijo, ani 30 meses.	Mullaney et al., 1970	Polwarth (30 meses)
0.43 ± 0.09	Regresión padre-hijo Indice Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.47 ± 0.09	Regresión padre-hijo Visual Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.32 ± 0.07	Regresión padre-hijo Indice Femenino	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.43 ± 0.07	Regresión padre-hijo Visual Femen.	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.35 ± 0.07	Regresión Intra-padre Indice Machos	Hancock et al., 1979	S.A. Strong Wool Merino
0.39 ± 0.07	Regresión Intra-padre Visual mach.	Hancock et al., 1979	S.A. Strong Wool Merino
0.44 ± 0.08	Regresión Intra-padre Indice Hembra	Hancock et al., 1979	S.A. Strong Wool Merino
0.52 ± 0.07	Regresión Intra-padre Visual hembra	Hancock et al., 1979	S.A. Strong Wool Merino
0.51 ± 0.40	Regresión padre-prog. : sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (3 meses)
0.63 ± 0.40	Regresión padre-prog. : corregidos	Reid, 1987	Polwarth (3 meses)
0.25 ± 0.13	Regresión padre-prog. : sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (11 meses)
0.28 ± 0.13	Regresión padre-prog. : corregidos	Reid, 1987	Polwarth (11 meses)
0.19 ± 0.12	Regresión padre-prog. : sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (17 meses)
0.17 ± 0.05	Modelo Animal	Brash et al., 1994	Border Leicester
0.43 ± 0.03	Regresión padre-hijo	Cardellino y Cardellino, 1992	Corriedale
0.72	Medio-hermanos	González, 1982	Merino Davis
0.68	Medio-hermanos	González, 1982	Merino Hopland

Cuadro N° 3: Estimaciones de heredabilidad para Rendimiento al Lavado

HEREDABILIDAD	METODO DE ESTIMACION	AUTOR	RAZA
0.56	Medio-hermanos corregidos	Gregory, 1982	Merino Australiano
0.41 ± 0.13	Medio-hermanos	James et al., 1990	Collinsville (Merino)
0.60 ± 0.16	Medio-hermanos : Indice Machos	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.41 ± 0.13	Medio-hermanos : Visual Machos	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.66 ± 0.17	Medio-hermanos : Indice Femenino	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.55 ± 0.15	Medio-hermanos : Visual Femenino	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.48 ± 0.04	Regresión madre- hijo sin corregir	Gregory, 1982	Merino Australiano
0.48	Regresión madre- hijo corregido	Gregory, 1982	Merino Australiano
0.52	Regresión madre- hijo	Mullaney et al., 1970	Merino (18 meses)
0.50	Regresión madre- hijo	Mullaney et al., 1970	Corriedale (18 meses)
0.32	Regresión madre- hijo	Mullaney et al., 1970	Polwarth (18 meses)
0.52	Regresión madre- hijo	Mullaney et al., 1970	Merino (30 meses)
0.52	Regresión madre- hijo	Mullaney et al., 1970	Corriedale (30 meses)
0.30 ± 0.04	Regresión padre- hijo	Cardellino y Cardellino, 1992	Corriedale
0.39	Regresión madre- hijo	Mullaney et al., 1970	Polwarth(30 meses)
0.31 ± 0.08	Regresión padre- hijo: Vis. Macho	Hancock et al., 1979	S.A. Strong Wool Mer.
0.67 ± 0.08	Regresión padre- hijo: Ind. Femen.	Hancock et al., 1979	S.A. Strong Wool Mer.
0.37 ± 0.07	Regresión padre- hijo: Vis. Femen.	Hancock et al., 1979	S.A. Strong Wool Mer.
0.50 ± 0.07	Regresión intra padre: Ind. Macho	Hancock et al., 1979	S.A. Strong Wool Mer.
0.47 ± 0.07	Regresión intra padre: Vis. Macho	Hancock et al., 1979	S.A. Strong Wool Mer.
0.48 ± 0.08	Regresión intra padre: Ind. Femen	Hancock, et al. 1979	S.A Strong Wool Mer.
0.52 ± 0.07	Regresión intra padre: Vis. Femen	Hancock et al., 1979	S.A. Strong Wool Mer.
0.10 ± 0.14	Regresión padre - prog.: sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (3 meses)
0.12 ± 0.15	Regresión padre - prog.: corregidos	Reid, 1987	Polwarth (3 meses)
0.50 ± 0.12	Regresión padre - prog.: sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (11 meses)
0.52 ± 0.13	Regresión padre - prog.: corregidos	Reid, 1987	Polwarth (11 meses)
0.27 ± 0.10	Regresión padre - prog.: sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (17 meses)
0.27 ± 0.10	Regresión padre - prog.: corregidos	Reid, 1987	Polwarth (17 meses)
0.75 ± 0.08	Medio - Hermanos sin corregir	Gregory, 1982	Merino Australiano

Cuadro N° 4: Estimaciones de heredabilidad para Diámetro de Fibra

HEREDABILIDAD	METODO DE ESTIMACION	AUTOR	RAZA
0,46	Medio-hermanos corregidos	Gregory, 1932	Merino Australiano
0.42 ± 0.13	Medio-hermanos	James et al., 1990	Collinsville (Merino)
0.66 ± 0.17	Medio-hermanos : Ind. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.66 ± 0.16	Medio-hermanos : Vis. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.51 ± 0.15	Medio-hermanos : Ind. Femenino	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
1.03 ± 0.22	Medio-hermanos : Vis. Femenino	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.45 ± 0.03	Regresión madre-hijo sin corregir	Gregory, 1932.	Merino Australiano
0.46	Regresión madre-hijo	Gregory, 1932.	Merino Australiano
0.44	Regresión madre-hijo	Mullaney et al., 1970	Corriedale (18 meses)
0.30	Regresión madre-hijo	Mullaney et al., 1970	Polwarth (18 meses)
0.62	Regresión madre-hijo	Mullaney et al., 1970	Merino (30 meses)
0.56	Regresión madre-hijo	Mullaney et al., 1970	Corriedale (30 meses)
0.44	Regresión madre-hijo	Mullaney et al., 1970	Polwarth (30 meses)
0.37 ± 0.04	Regresión padre-hijo	Cardellino y Cardellino, 1992	Corriedale
-0.01 ± 0.07	Regresión padre-hijo: Ind. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.56 ± 0.07	Regresión intra padre Vis. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.44 ± 0.08	Regresión intra padre Ind. Femen	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.38 ± 0.07	Regresión intra padre Vis. Femen	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.40 ± 0.06	Medio-hermanos sin corregir	Gregory, 1932.	Merino Australiano
0.48 ± 0.14	Regresión padre-prog. : sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (3 meses)
0.49 ± 0.13	Regresión padre-prog. : corregidos	Reid, 1987	Polwarth (3 meses)
0.41 ± 0.10	Regresión padre-prog. : sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (11 meses)
0.44 ± 0.10	Regresión padre-prog. : corregidos	Reid, 1987	Polwarth (11 meses)
0.33 ± 0.08	Regresión padre-prog. : sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (17 meses)
0.33 ± 0.08	Regresión padre-prog. : corregidos	Reid, 1987	Polwarth (17 meses)
0.16 ± 0.07	Regresión padre-hijo Ind. Femen.	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.27 ± 0.06	Regresión padre-hijo Vis. Femen.	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.33 ± 0.08	Regresión intra padre Ind. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.25 ± 0.06	Regresión padre-hijo: Vis. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino

Cuadro N° 5: Estimaciones de heredabilidad para Peso Corporal

HEREDABILIDAD	METODO DE ESTIMACION	AUTOR	RAZA
0.39	Medio - Hermanos corregidos	Gregory, 1982.	Merino Australiano
0.48 ± 0.14	Medio - Hermanos: Indice Macho	Hancock et al., 1979.	S. A. Strong Wool Mer.
0.33 ± 0.12	Medio - Hermanos: Visual Macho	Hancock et al., 1979.	S. A. Strong Wool Mer.
0.25 ± 0.12	Medio - Hermanos: Indice Femenino	Hancock et al., 1979.	S. A. Strong Wool Mer.
0.53 ± 0.15	Medio - Hermanos: Visual Femenino	Hancock et al., 1979.	S. A. Strong Wool Mer.
0.63 ± 0.05	Regresión madre - hijo sin corregir	Gregory, 1982.	Merino Australiano
0.73	Regresión madre - hijo corregidos	Gregory, 1982.	Merino Australiano
0.58 ± 0.07	Regresión padre - hijo: Ind. Macho	Hancock et al., 1979.	S. A. Strong Wool Mer.
0.38 ± 0.07	Regresión padre - hijo: Vis. Macho	Hancock et al., 1979.	S. A. Strong Wool Mer.
0.31 ± 0.07	Regresión padre - hijo: Ind. Femen.	Hancock et al., 1979.	S. A. Strong Wool Mer.
0.36 ± 0.03	Regresión padre-hijo	Cardellino y Cardellino, 1992	Corriedale
0.30 ± 0.06	Regresión padre - hijo: Vis. Femen.	Hancock et al., 1979.	S. A. Strong Wool Mer.
0.56 ± 0.07	Regresión intra padre Vis. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.44 ± 0.08	Regresión intra padre Ind. Femen	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.38 ± 0.07	Regresión intra padre Vis. Femen	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.40 ± 0.06	Medio-hermanos sin corregir	Gregory, 1982.	Merino Australiano
0.48 ± 0.14	Regresión padre-prog. : sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (3 meses)
0.49 ± 0.13	Regresión padre- prog. : corregidos	Reid, 1987	Polwarth (3 meses)
0.41 ± 0.10	Regresión padre- prog. : sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (11 meses)
0.44 ± 0.10	Regresión padre- prog. : corregidos	Reid, 1987	Polwarth (11 meses)
0.33 ± 0.08	Regresión padre- prog. : sin corregir	Reid, 1987	Polwarth (17 meses)
0.33 ± 0.08	Regresión padre- prog. : corregidos	Reid, 1987	Polwarth (17 meses)
0.16 ± 0.07	Regresión padre-hijo Ind. Femen.	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.27 ± 0.06	Regresión padre-hijo Vis. Femen.	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.33 ± 0.08	Regresión intra padre Ind. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino
0.25 ± 0.06	Regresión padre - hijo: Vis. Macho	Hancock et al., 1979	S. A. Strong Wool Merino

Cuadro N° 6: Correlaciones genéticas (debajo de la diagonal) y correlaciones fenotípicas (encima de la diagonal).

	Peso de Vellón Sucio	Peso de Vellón Limpio	Diámetro de Fibra	Peso Corporal
Peso de Vellón Sucio		0.93 (1) 0.82 (2) 0.86 (4) 0.88 (10) 0.88 (11) 0.93 (12)	0.33 (1) 0.13 (2) 0.25 (4) 0.36 (10) 0.32 (11) 0.40 (12)	0.37 (2) 0.54 (5)
Peso de Vellón Limpio	0.96 ± 0.03 (1) 0.62 ± 0.08 (2) 0.79 (3) 0.81 (4) 0.16 ± 0.49 (6) 0.82 ± 0.09 (7) 0.65 ± 0.16 (8) 0.75 ± 0.10 (9) 0.82 ± 0.04 (10) 0.80 ± 0.06 (11) 0.99 ± 0.08 (12) 0.76 ± 0.03 (13) 0.80 ± 0.02 (14) 0.79 ± 0.03 (15) 0.85 ± 0.02 (16)		0.29 (1) 0.13 (2) 0.28 (4)	0.36 (2)
Diámetro de Fibra	0.01 ± 0.27 (1) -0.17 ± 0.11 (2) 0.14 (3) 0.19 (4) -0.28 ± 0.29 (6) -0.10 ± 0.22 (7) -0.02 ± 0.23 (8) 0.09 ± 0.18 (9) 0.45 ± 0.09 (10) 0.17 ± 0.14 (11) 0.24 (12) -0.01 ± 0.07 (13) 0.19 ± 0.05 (14) 0.20 ± 0.06 (15) 0.29 ± 0.06 (16)	-0.12 ± 0.26 (1) -0.06 ± 0.11 (2) 0.16 (3) 0.21 (4) 0.06 ± 0.31 (6) 0.04 ± 0.21 (7) 0.23 ± 0.28 (8) 0.08 ± 0.19 (9) 0.35 ± 0.10 (10) 0.31 ± 0.13 (11) 0.23 (12) 0.02 ± 0.08 (13) 0.23 ± 0.06 (14) 0.19 ± 0.17 (15) 0.30 ± 0.06 (16)		0.03 (2)
Peso Corporal	0.03 ± 0.12 (2) 0.21 (3) -0.21 ± 0.3 (5) 0.04 ± 0.3 (6) -0.16 ± 0.27 (7) 0.06 ± 0.29 (8) 0.31 ± 0.19 (9) 0.11 ± 0.06 (13) 0.28 ± 0.05 (14) 0.14 ± 0.06 (15) 0.28 ± 0.05 (16)	0.03 ± 0.12 (2) 0.21 (3) -0.21 ± 0.3 (5) 0.04 ± 0.3 (6) -0.16 ± 0.27 (7) 0.06 ± 0.29 (8) 0.31 ± 0.19 (9) 0.11 ± 0.06 (13) 0.28 ± 0.05 (14) 0.14 ± 0.06 (15) 0.28 ± 0.05 (16)	-0.08 ± 0.10 (2) 0.06 (3) 0.03 ± 0.20 (6) -0.03 ± 0.21 (7) -0.15 ± 0.27 (8) 0.01 ± 0.17 (9) -0.09 ± 0.07 (13) 0.04 ± 0.05 (14) 0.04 ± 0.06 (15) 0.10 ± 0.06 (16)	

Autores y Métodos de Estimación:

(1)	James et al., 1990.	Correlación entre Medio - hermanos.
(2)	Gregory, 1982.	Correlación entre Medio - hermanos.
(3)	Gregory, 1982.	Regresión Madre - Progenie.
(4)	Mortimer, 1987.	Promedio de correlaciones, revisión bibliográfica.
(5)	Brash et al., 1994.	Modelo Animal Individual.
(6)	Hancock et al., 1979.	Correlación entre Medio-hermanos. Índice machos.
(7)	Hancock et al., 1979.	Correlación entre Medio-hermanos. Visual machos.
(8)	Hancock et al., 1979.	Correlación entre Medio-hermanos. Ind. hembras.
(9)	Hancock et al., 1979.	Correlación entre Medio-hermanos. Vis. hembras.
(10)	Mullaney et al., 1970.	Regresión Madre-progenie. Promedio de 18 y 30 meses (Merino).
(11)	Mullaney et al., 1970.	Regresión Madre-progenie. Promedio de 18 y 30 meses (Corriedale).
(12)	Mullaney et al., 1970.	Regresión Madre-progenie. Promedio de 18 y 30 meses (Polwarth).
(13)	Hancock et al., 1979.	Regresión intra padre. Índice de machos.
(14)	Hancock et al., 1979.	Regresión intra padre. Visual de machos.
(15)	Hancock et al., 1979.	Regresión intra padre. Índice de hembras.
(16)	Hancock et al., 1979.	Regresión intra padre. Visual de hembras.