

See discussions, stats, and author profiles for this publication at: <https://www.researchgate.net/publication/275583037>

EVALUACION GENETICA DE UNA MAJADA DE CABRAS CRIOLLO EN LOS LLANOS DE LA RIOJA, ARGENTINA.

Article · December 2008

CITATIONS

0

READS

112

6 authors, including:



Tomas Anibal Vera

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria

126 PUBLICATIONS 52 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)



Chagra Dib E. P.

47 PUBLICATIONS 16 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)



Patricio Dayenoff

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria

6 PUBLICATIONS 16 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)



Armando Ricarte

17 PUBLICATIONS 0 CITATIONS

[SEE PROFILE](#)

Some of the authors of this publication are also working on these related projects:



Evaluación de diferentes protocolos de sincronización en estación y contra estación reproductiva en cabras bajo pastoreo extensivo [View project](#)



Mascadera Caprina [View project](#)

Evaluación genética de una majada de cabras Criollo en Los Llanos de La Rioja, Argentina.

Vera, T.⁽¹⁾; Melucci, L.⁽²⁾; Chagra Dib, P.⁽¹⁾; Leguiza, D.⁽¹⁾; Dayenoff, P.⁽¹⁾; Ricarte, A.⁽¹⁾

⁽¹⁾ EEA La Rioja (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria, INTA); ⁽²⁾ Unidad Integrada: EEA (INTA) Balcarce - Fac.Cs.Agr., UNMdP. Argentina.
lmelucci@balcarce.inta.gov.ar

Resumen:

La raza caprina Criollo constituye un recurso genético para producción de carne en regiones áridas y semiáridas de Argentina. En 1989, la EEA (INTA) La Rioja inició una majada experimental para estudiar su potencial productivo. Para analizar la variabilidad genética de la majada se estimaron a) la tasa de inbreeding, tamaño efectivo de la población y parámetros basados en la teoría de probabilidad de origen de los genes: número efectivo de fundadores (f_e) y número de ancestros (f_a) y b) las tendencias en los componentes directos y maternos del peso al nacer (PNd y PNm) y peso al destete (PDd y PDm, respectivamente). En el primer caso se utilizó el programa ENDOG (v 4.0). Los valores de cría predichos de PN y PD se estimaron en forma unicarácter incluyendo los respectivos efectos fijos y los efectos genéticos directos, maternos y del ambiente permanente. La información correspondió a 1748 cabritos nacidos entre 1994 y 2005. La estructura genética de la población indicó 345 fundadores y 508 medio fundadores mostrando un tamaño efectivo de la población base de 66,32 reproductores, una endogamia esperada por generación de 0,75 % y una endogamia media calculada a partir del promedio de los coeficientes de consanguinidad estimados de 0,35%. La población de referencia correspondió a 1067 individuos con ambos padres conocidos, donde $f_a = 194$ y $f_e = 23$ individuos de los cuales solo 9 explicaron el 50 % de la variabilidad total. Las tendencias genéticas generacionales para PNd, PNm, PDd y PDm fueron: $-0,00572 \pm 0,00392$ ($P > 0,05$); $-0,02532 \pm 0,00383$ ($P > 0,01$); $-0,18932 \pm 0,02991$ ($P < 0,01$) y $0,06457 \pm 0,01034$ ($P < 0,01$), respectivamente. Se considera necesario implementar estrategias de apareamientos para controlar el incremento de consanguinidad y aumentar el tamaño efectivo de la población. Las tendencias genéticas indicaron un leve incremento en el crecimiento predestete de los animales.

Summary

The Criollo goat is a beef genetic recourse for arid region in Argentine. In 1989 an experimental flock was created in La Rioja, EEA (INTA) with the objective of to learn your productivity. The present study analyzes the genetic variation of flock through of a) inbreeding rate, effective population size and the estimation of parameters based on the theory of probabilities of gene origin: effective number of founders (f_e) effective number of ancestors (f_a) and b) genetic tends in direct and maternal components of birth (PNd y PNm) and weaning (PDd y

PDm) weight, respectively. In the first case, it was performed using the ENDOG (v 4.0) program. Estimates of PN and PD breeding value were obtained by unitrait mixed model with corresponding fixed effect and direct, maternal and permanent genetic effects. The information available came from 1748 kid born between 1994 and 2005. On the base population there was 345 and 508 founder and half founder, respectively, with an effective population size of 66.32 and an expected inbreeding of 0,75 % by generation and a computed mean inbreeding from estimated inbreeding coefficients of 0,35% by generation. The reference population was performed by 1067 individual with both parents known, where $f_a=194$ and $f_e= 23$ but the 50 % of total variability was explained by only 9 individual. The genetic trends by generation were -0.00572 ± 0.00392 ($P>0.05$); -0.02532 ± 0.00383 ($P>0.01$); -0.18932 ± 0.02991 ($P<0.01$) and 0.06457 ± 0.01034 ($P<0.01$) for PNd, PNm, PDd and PDm, respectively. An optimum policy of mating needs to be established to control the inbreeding and increasing N_e . The genetic trends shown a slow increasing in preweaning growth of animals.

Palabras clave: Cabras Criollo – consanguinidad – tamaño efectivo – ancestros – tendencias genéticas

Key words: Criollo goats - inbreeding – effective population size – ancestors - genetic trends.

Introducción

La producción caprina de carne en Argentina alberga 4 millones de cabezas y 50 mil familias de productores, actividad que se desarrolla principalmente en las regiones áridas y semi áridas del país (INDEC-CNA, 2002). La raza caprina predominante es la denominada “Criollo”, derivada de las cabras que fueron introducidas en territorio Americano de mano de los españoles, en una época en que el concepto de raza no existía, por lo que dependiendo de la expedición, las cabras provinieron de España, Portugal, las Islas Canarias (Capote et al, 2004) o inclusive África. En 1989, la EEA (INTA) La Rioja inició una majada experimental para estudiar su potencial productivo. Con el objetivo de analizar la variabilidad genética de la majada se estimaron a) la tasa de inbreeding, tamaño efectivo de la población y parámetros basados en la teoría de probabilidad de origen de los genes: número efectivo de fundadores (f_e) y número de ancestros (f_a) y b) las tendencias en los componentes directos y maternos del peso al nacer (PNd y PNm) y peso al destete (PDd y PDm), respectivamente.

Materiales y métodos:

La majada analizada perteneció al campo experimental “Las Vizcacheras” de la Estación Experimental Agropecuaria La Rioja ($30^\circ 22' S$; $66^\circ 17' W$) del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Argentina. El establecimiento está ubicado en la región de Los Llanos de La Rioja, se caracteriza por un clima desértico a semidesértico con precipitación media anual de 456,5 mm. La vegetación es de tipo xerófila y se distribuye en

tres estratos: arbóreo aislado, arbustivo continuo y herbáceo discontinuo, acompañado de una importante superficie sin cobertura vegetal.

La majada se inició a partir de 45 hembras pertenecientes a productores de la zona de influencia de la experimental y dos machos procedentes de las provincias de Santiago del Estero y La Rioja logrando en el año 2005 un plantel de 230 cabras y 18 chivos. Todas las hembras recibieron su primer servicio a los 18 meses de edad.

La información utilizada comprendió registros de pesos al nacer (PN) y al destete (PD) de 1748 cabritos nacidos entre los años 1994 y 2005 que generó un archivo genealógico de 1920 animales. Para cada animal se estimó a) su coeficiente de consanguinidad (F_x) (probabilidad que el individuo tenga en un locus tomado al azar, dos alelos idénticos por descendencia; b) el coeficiente de relación (AR) el cual representa la probabilidad que un alelo tomado al azar de la población pertenezca a ese animal; c) el número de generación al cual pertenecía el individuo, calculada como la suma de $(1/2)^n$ donde n es el número de generaciones que separan al individuo de cada antecesor conocido. La estimación de estos parámetros permitió luego calcular el tamaño efectivo de la población (N_e) como $N_e = 1 / 2 \Delta F$ donde ΔF indica la tasa de incremento en la consanguinidad de la majada.

Siguiendo la metodología descrita por Boichard y col. (1997), se calculó además a) el número efectivo de fundadores (f_e) el cual representa el número de fundadores responsables de la diversidad genética de la población de referencia si ellos hubieran contribuido igualitariamente a la descendencia; b) el número de ancestros (f_a) el cual representa el mínimo número de fundadores que explica la diversidad completa de la población y por lo cual tiene en cuenta la pérdida de variabilidad genética provocada por los cuellos de botella que se producen por el desbalance en el uso de los reproductores. Se estimó el intervalo entre generaciones (IG) y la edad promedio (E_p) de los padres al nacimiento de sus hijos se usaran posteriormente como reproductores o no. Todos los análisis se realizaron empleando el programa ENDOG (v 4.0) (Gutiérrez y Goyache, 2005).

Los valores de cría predichos (VCP) para los componentes directos y maternos de PN y PD45 (PD ajustado a los 45 días) (VCPNd, VCPNm, VCPDd y VCPDm, respectivamente) de cada animal se estimaron mediante MTDFREML (Multiple Trait Derivative-Free Restricted Maximum Likelihood, Boldman y col. 1993) bajo modelo animal unicaracter con efectos maternos y del ambiente permanente. Los efectos fijos fueron año de nacimiento; sexo; tipo de parto; edad de la madre y para PD45 se agregó el efecto de grupo contemporáneo de destete. En ambos modelos los efectos aleatorios fueron los valores de cría directos y maternos, el ambiente permanente y el error. Para la estimación de estos VCP y ante la no disponibilidad de estimaciones locales previas de componentes de varianzas para crecimiento hasta el destete, se asumieron los valores citados por Schoeman y col. 1997 para cabras de raza Boer. Una vez obtenidos los VCP para cada animal y para cada carácter se estimaron las tendencias genéticas para ambos caracteres a partir de la regresión lineal simple de los VCP de cada animal en la generación correspondiente.

Resultados y discusión:

La estructura genética de la población indicó 345 fundadores y 508 medio fundadores mostrando un tamaño efectivo de la población base de 66,32 reproductores con una endogamia esperada por generación de 0,75 % y una endogamia media calculada a partir del promedio de los coeficientes de consanguinidad estimados de 0,35%. Sin embargo, este valor actual del nivel de consanguinidad no contempla el imbreeding previo de los animales antes de iniciar el registro de información. El análisis por ancestros de acuerdo a la metodología de Boichard y col (1997), tomó como población de referencia únicamente los individuos con ambos padres conocidos (1067 individuos). El número de ancestros que dieron origen a esta población de referencia fueron 194 pero el número efectivo de ancestros, que contempla la contribución marginal de cada antecesor, es decir, aquélla que no fue explicada aún por los otros antecesores, se redujo a 23 de los cuales solo 9 explicaron el 50 % de la variabilidad de la población. En el cuadro 1 se presentan el promedio de consanguinidad, el porcentaje de animales consanguíneos, el nivel de consanguinidad promedio de los animales consanguíneos y el parentesco promedio de los animales para cada generación por generación la evolución del nivel de consanguinidad por generación.

Cuadro 1: Consanguinidad promedio por generación

Consanguinidad (Fx) media por generación					
Número generación	Número animales	Fx media (%)	Animales Consanguíneos %	Fx de los anim consanguíneos (%)	parentesco promedio (%)
0	163	0			0,42
1	741	0			1,17
2	611	0,72	3,11	23,03	2,14
3	327	0,28	2,14	12,95	2,33
4	75	0,59	9,46	6,25	2,21
5	4	25	100	25	6,33

El IG y la Ep resultaron: $5,20 \pm 2,80$ años y $5,68 \pm 2,80$ años (promedio \pm desvío estándar), respectivamente.

Los promedios generales para PN y PD45 fueron $2,68 \pm 0,62$ Kg. y $6,66 \pm 2,22$ Kg. respectivamente. El VCPPNd no se modificó a través de las generaciones ($P > 0,05$), sin embargo, el VCPPNm disminuyó $-0,02532 \pm 0,00383$ ($P < 0,01$) por generación. El VCPPDd sufrió una disminución de $-0,18932 \pm 0,02991$ kg/g ($P < 0,01$) al tiempo que el VCPPDm se incrementó en $0,06457 \pm 0,01034$ kg/g ($P < 0,01$), respectivamente. Estas tendencias genéticas solo deben considerarse como orientativas dado que la estimación de los valores de cría estuvo basada sobre parámetros genéticos bibliográficos no pertenecientes a la población bajo estudio. A la luz de los resultados obtenidos se considera necesario implementar estrategias de apareamientos para controlar el incremento de consanguinidad y aumentar el tamaño efectivo de la población.

Bibliografía:

INDEC (2002) Instituto Nacional de Estadísticas y Censo. Censo Nacional Agropecuario

Boichard, D.; Maignel, L.; Verrier, E. (1997). "The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population". *Genetics, Selection, Evolution*, 29: 5-23.

Boldman, K. G., L. A. Kriese, L. D. Van Vleck, C. P. Van Tassell and S. D. Kachman. (1995). "A Manual for Use of MTDFREML. A Set of Programs To Obtain Estimates of Variances and Covariances [DRAFT]". U.S. Department of Agriculture, Agricultural Research Service, pp.:125.

Capote, J.; Tejera, A.; Amills, M.; Argüello, A.; Fresno, M. y López, J. L. (2004). "Influencia histórica y actual de los genotipos canarios en la población caprina americana". *Animal Genetic Resources Information (FAO)*, 35: 49-60.

Gutiérrez J. P. and Goyache, F. (2005). "A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information". *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122: 172-176.

Schoeman, S. J.; Els, J. F.; van Niekerk, M. M. (1997). "Variance components of early growth traits in the Boer Goats". *Small Ruminant Research*, 26: 15-20.

Trabajo Presentado y publicado en las Memorias del IX° Simposio Iberoamericano Sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos. 10 al 12 de Diciembre del 2008. Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina. Sección Caracterización Genética. Pp.: 275 a 278.