

Estimación de parámetros genéticos para caracteres de producción de leche y mastitis subclínica en ovinos Pampinta

STAZIONATI, M.F.¹; MAIZON, D.O.^{1,2}; GIOVAMBATTISTA, G.³; GIGLI, I.²

RESUMEN

El objetivo del presente trabajo fue estimar heredabilidades, repetibilidades y correlaciones genéticas y fenotípicas para los caracteres producción de leche (PL; l/d), grasa total (GT; g/d), proteína total (PT; g/d), porcentaje de grasa (G%; %) y de proteínas (P%; %), y mastitis subclínica (MSC, presencia/ausencia, según Test Mastitis California) en lactancias de 210 días en ovinos de la raza Pampinta. Se emplearon los controles lecheros realizados entre 2009 y 2017 en el tambo experimental del INTA, EEA Anguil "Ing. Agr. Guillermo Covas". Luego de editarlos, se obtuvieron 833 lactancias de 425 ovejas Pampinta; a su vez, se construyó una genealogía con 1092 individuos. Los siguientes factores clasificatorios: edad al primer parto (EPP); año de parto y época de parto (AEP); orden de parto (OPAR); tipo de parto y crianza (TPC); días desde el parto al primer control lechero (DPPCL); y duración de lactancia (DLAC) fueron evaluados para cada variable respuesta mediante modelos mixtos unicarácter con observaciones repetidas empleando el paquete lme4 en R. De estos, EPP no resultó seleccionado para ningún modelo, en tanto que AEP lo fue para todos. Además, el modelo de PL no incluyó TPC; en de PT no incluyó OPAR y TPC; el de P% no incluyó ELAC; y el de MSC no incluyó DPPCL y ELAC. Para las estimaciones de componentes de varianza se emplearon modelos animales mixtos bicarácter con un enfoque bayesiano empleando el programa TM. Las estimaciones de repetibilidad para los caracteres de producción —PL, GT, PT, G%, y P%— fueron intermedias, entre 0,41 y 0,51, lo que indicó que una observación sería un buen predictor de la futura producción individual. En cambio para MSC fue de 0,20 resaltando la importancia del ambiente en la expresión de esta. Además, las estimaciones de heredabilidad resultaron intermedias a bajas para los caracteres de producción, entre 0,21 y 0,33, y baja para MSC, de 0,1. Para los caracteres de producción estas estimaciones están en el rango de las estimaciones reportadas previamente. Este estudio es el primero que reporta estimaciones de heredabilidad para mastitis subclínicas en ovinos, siendo levemente inferior a las estimaciones para recuentos de células somáticas reportadas por otros autores. Esto indica que se podría seleccionar indirectamente por resistencia a mastitis empleando MSC. Las correlaciones, fenotípicas y genéticas, entre PL con GT y con PT, y GT con PT resultaron altas con valores entre 0,92 y 0,98, coincidiendo con la bibliografía. Las correlaciones fenotípicas entre MSC y los caracteres productivos resultaron negativos. En tanto, las correlaciones genéticas resultaron todas positivas, pero con muy amplios intervalos de credibilidad. Estas estimaciones tienen una importancia práctica directa debido a

¹Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Centro Regional (CR) La Pampa San Luis, Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Anguil "Ing. Agr. Guillermo Covas", Ruta Nac. N.º 5 km 580, Anguil (6326), La Pampa, Argentina.

Correo electrónico: maizon.daniel@inta.gob.ar

²Universidad Nacional La Pampa (UNLPam), Facultad de Agronomía, Ruta Nac. N.º 35 km 334, Santa Rosa (6300), La Pampa, Argentina.

Correo electrónico: igigli@agro.unlpam.edu.ar

³Universidad Nacional La Plata (UNLP), Facultad de Ciencias Veterinarias (FCV), Instituto de Genética Veterinaria (IGEVET), CCT, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Calle 60, B1900AVW, CC 296, La Plata, Argentina.

Correo electrónico: ggiovam@fcv.unlp.edu.ar

que un programa de mejora genética para aumentar PL y GT aumentaría a su vez la incidencia de MSC. Esto pone de manifiesto la necesidad de incluir MSC en el objetivo de selección.

Palabras clave: ovejas, ovinos Pampinta, mastitis subclínica, caracteres de producción.

ABSTRACT

The goal of the present work was to estimate heritabilities, repeatabilities, and genetic and phenotypic correlations for production traits such as milk yield (MY; l/d), total fat (TF; g/d), total protein (TP; g/d), percentage of fat (F%; %), percentage of protein (P%; %), and subclinical mastitis (SCM, present or absent – based on Californian Mastitis Test) in lactations of 210 d long. To that purpose, test day records collected from 2009 to 2017 in an experimental farm (INTA EEA Anguil “Ing. Agr. Guillermo Covas”) were used. After editing, a total of 833 lactations were obtained from 425 Pampinta ewes, and, in turn, a genealogy with 1092 sheep was built. The following classificatory factors: age at first lambing (AFL); year and season of lambing (YSL); number of lambing (NL); lambing and weaning kind (LWK); days from lambing to first test day (DLFTD); and lactation length (LL) were tested for each response variable through univariate mixed models with repeated observations using the lme4 package in R. Among these, AFL was not selected for any model, while YSL was for all models. Besides, the model for MY did not include LWK; the one for TP did not include NL and LWK; for P% did not include LL; and for SCM did not include DLFTD and LL. For variance component estimations, bivariate animal mixed-models were used. These were estimated with a Bayesian approach using the TM program. Repeatability estimates for productive traits –MY, TF, TP, F%, P%– were intermediate, in the range from 0.41 to 0.51, showing that one observation could be a good predictor of individual productivity. On the other hand, for SCM the repeatability was 0.20; this is pointing the fact that environment plays such a great deal in the expression of that trait. In the case of heritabilities, the estimates were intermediate to low; for productive traits, they were between 0.21 and 0.33, in accordance with those in the bibliography. To the best of our knowledge, this is the first study to estimate heritability for SCM, which was 0.1. This value is slightly lower than that published for somatic cell counts. However, it seems possible to select against mastitis using SCM. Phenotypic and genetic correlations between MY with TF and with TP, and TF with TP were high, from 0.92 to 0.98, and these are in line with the literature. Phenotypic correlations between SCM and each productive trait were negative, which is good from a productive point of view; and the genetic correlations were positive, although they had very wide credibility intervals. Based on these estimates, if a selection program was put in place, for example, to increase MY and TF, a correlated response to selection could increase the incidence of SCM. Consequently, this fact should be taken into account to avoid negative consequences from the selection program.

Keywords: sheeps, Pampinta ewes, subclinical mastitis, production traits.

INTRODUCCIÓN

Los componentes de varianza y funciones de ellos, como las heredabilidades (h^2) y las correlaciones genéticas y fenotípicas, cumplen un rol fundamental en el desarrollo de programas de mejora genética (Falconer y Mackay, 1996). Permiten no solo evaluar la importancia relativa de cada carácter al ser seleccionado, sino también su relación con los otros caracteres, y fundamentalmente evaluar la respuesta potencial a la selección. En relación con los caracteres de producción (por ejemplo, leche, grasa y proteína) y de resistencia a enfermedades (por ejemplo, mastitis subclínicas –MSC–) en ovinos lecheros, en la literatura se encuentra una variada cantidad de definiciones. Esta variación está dada por el tiempo de producción considerado (por ejemplo, 120, 180, o 210 días para definir lactancias) y

por la escala de medición (litros o kilogramos, expresados por día o por período). Además, como los componentes de varianza son parámetros poblacionales, sus estimaciones varían para una misma raza y una misma definición del carácter, de población en población. Esto hace necesario la estimación de dichos componentes si se desea desarrollar un programa de mejora. Una reciente revisión de programas de mejora genética en ovinos lecheros, revisa las estimaciones de parámetros genéticos (Carta *et al.*, 2009).

Pampinta es una raza sintética, $\frac{3}{4}$ East Friesian (EF) y $\frac{1}{4}$ Corriedale, que se seleccionó por fenotipo desde su origen, a fines de los 70, hacia el estándar racial de la raza EF. Al ser esta última una de las principales razas europeas para producción de leche, Pampinta tiene también una importante aptitud lechera en comparación a otras razas que se

crían en Argentina (Suárez y Buseti, 1999). Por este motivo, desde el año 1995, en la EEA Anguil "Ing. Agr. Guillermo Covas" del INTA (La Pampa, Argentina) se mantiene un tambo experimental con ovejas que pertenecen a la Cabaña Pampinta del INTA. Desde el inicio de esta actividad, se han realizado controles lecheros (CL) individuales a todo animal que ingresó al tambo. Primero, solo se registraba la producción de leche, en litros, y la presencia o ausencia de mastitis subclínicas mediante el test mastitis california (TMC; Schalm y Noorlander, 1957). Desde el año 2010, también se registra la composición de la leche: grasas, proteínas, sólidos totales y la densidad (Maizon *et al.*, 2011). Según estos registros, Pampinta en el tambo experimental de la EEA Anguil tiene una producción promedio de un litro de leche por día, en lactancias de 180 a 240 días de duración. Por una parte, este promedio es substancialmente menor a los 2,4 litros por día producido por la raza alemana EF (Hamann *et al.*, 2004). La alimentación y el manejo podrían explicar esta diferencia, aunque mayoritariamente lo explica el pool génico inicial, por ej., efecto fundador, pues la raza Corriedale (no lechera) tiene una fuerte influencia en Pampinta. Otra de las razones que pueden explicar el nivel de producción de leche es la falta de selección por mayor producción lechera. Sin embargo, en relación con otras razas empleadas a nivel nacional su nivel de producción es aceptable, tal es así que según una encuesta (Suárez y Buseti, 2009) Pampinta es una de las razas predominantes en los tambos activos en Argentina.

Por otra parte, en relación con el aspecto sanitario de la ubre ovina en el tambo, se puede indicar que el mayor problema lo representa la mastitis. Esta es una inflamación del tejido mamario, no siempre debida a una infección. En el proceso inflamatorio se produce una migración de leucocitos, principalmente neutrófilos, al lumen alveolar mamario que traspasan a la leche (Harmon, 1994). La mastitis puede tener una presentación clínica y otra subclínica. Esta última, MSC, sin alteraciones "visibles" de la leche o de las glándulas mamarias, puede ser identificada indirectamente mediante el recuento de células somáticas (RCS) en leche o a través del test mastitis california (TMC). Este último se fundamenta en la ruptura de la membrana celular mediante un compuesto químico, con lo cual, los filamentos de ADN celular salen fuera de las células, y se unen unos con otros formando una estructura tipo gel que se revela con un colorante. A mayor cantidad de gel mayor será la inflamación. Por una parte, en Argentina, Suárez *et al.* (2002) reportaron para ovejas en ordeño una incidencia del 18 al 36% de MSC evaluadas mediante el TMC. Además, estimaron una asociación positiva entre RCS y TMC para Pampinta. Esto permitiría el uso del TMC, un indicador simple y económico, dentro de programas de mejora genética. Por otra parte, diversos estudios han demostrado la posibilidad de utilizar el RCS para seleccionar por resistencia al desarrollo de mastitis (Barrilet *et al.*, 2001). A nivel nacional, el RCS tiene un costo muy alto como para ser empleado a nivel poblacional; por lo cual, el TMC sería una alternativa para uso extensivo en programas de mejora genética.

Para implementar un esquema de selección en la raza Pampinta que considere tanto la producción de leche en litros como su composición y la sanidad de las ovejas, es necesario primero contar con estimaciones de los parámetros genéticos. En consecuencia, el presente trabajo tuvo como objetivo estimar componentes de varianza y covarianza genéticas y fenotípicas, y parámetros genéticos tales como h^2 , repetibilidad y correlaciones genéticas para producción de leche (PL); grasa total (GT); proteínas totales (PT); porcentaje de grasa (G%); porcentaje de proteínas (P%) y mastitis subclínica (MSC) en 210 días de lactancia. A fin de realizar las estimaciones, se ajustaron modelos que reflejen los efectos de los principales factores ambientales sobre las variables.

MATERIALES Y MÉTODOS

Para el presente trabajo se emplearon los controles lecheros (CL) de las ovejas Pampinta del tambo de la EEA Anguil, realizados entre los años 2009 y 2017. Durante este período, las ovejas fueron alimentadas, básicamente, con verdeos de invierno (triticale) o de verano (sorgo forrajero), según el período de parto, y tuvieron acceso a pasturas de alfalfa entre noviembre y febrero. De acuerdo al año, y a la oferta forrajera lograda, se las suplementó con rollos de moha. A su vez, en el momento de ordeño se las suplementó con un balanceado para lecheras con 18% de proteína. Se realizó un solo ordeño diario por la mañana, y las ovejas ingresaron al ordeño al día siguiente del destete de sus crías. Los destetes se realizaron cuando el peso de la cría superó 2,5 veces el peso al nacer, lo que ocurrió en promedio a los 45 días (d) posparto. Los CLs se realizaron cada 28 a 35 d, con un tiempo promedio desde el parto al primer CL de 63,9 d con un desvío estándar (DE) de 18,5 d. En cada CL la producción se midió en kilogramos mediante lactómetros (Marca TRU-TEST®, Nueva Zelanda) y la presencia/ausencia de MSC por el método TMC (Schalm y Noorlander, 1957). Posteriormente, en laboratorio, se determinó la composición (grasa total, proteínas totales, densidad y residuo sólidos totales) mediante un equipo de infrarrojo (EKOMILK, Córdoba, Argentina). Se consideró con MSC a aquella oveja que tuvo al menos un TMC positivo a lo largo de la lactancia. Los kilogramos de leche de cada oveja se pasaron a litros de leche empleando la densidad individual. Las ovejas se secaron (en otras palabras, se terminó la lactancia) cuando la cantidad de leche ordeñada fue igual o menor a 0,3 l/d en el día del CL, lo que ocurrió en promedio a los 209 d con un DE de 51 d. Para el análisis estadístico solo se incluyeron las ovejas con tres o más CLs entre el inicio del ordeño y los 210 d posparto. La producción de leche acumulada entre el día del parto y los 210 d se estimó empleando el procedimiento sugerido por Legarra y Ugarte (2001). Así se obtuvieron 833 lactancias para el período 2009-2017 correspondientes a 425 ovejas. En el año 2009 solo se registró la producción de leche y MSC. En el armado de la genealogía de las ovejas ordeñadas, fueron incorporados los ancestros de estas que conectaban a dos o más ovejas

con registros productivos. De esta manera, se obtuvo una genealogía con 1092 ovinos que incluyó: 425 ovejas con datos productivos, 218 padres (95 de los cuales tenían hijas con registros) y 637 madres (286 de ellas con hijas con registros). En promedio, 67% de los padres de las ovejas en el tambo durante un año estación se repitieron como padres en el siguiente año estación. Nótese, que los servicios en el período de estación reproductiva (Pampinta es poliéstrica estacional) han sido a corral, con detección de celo en las hembras mediante retajos marcados. Cuando los servicios fueron contra estación reproductiva, se emplearon protocolos de sincronización a fin de estimular el celo, y el servicio fue a corral.

Los seis caracteres evaluados fueron PL (l/d), GT (g/d), PT (g/d), G% (%) y P% (%), computadas como el promedio de producción en 210 días de lactancia, y presencia/ausencia MSC a partir de TMC en 210 d de lactancia. Se consideraron además los siguientes factores clasificatorios:

1. Edad al primer parto (EPP). Este factor tuvo tres niveles: 1) menor o igual a 14 meses; 2) entre 15 y 22 meses; y 3) mayor a 23 meses;
2. La combinación año de parto y época de parto (AEP): los años 2009 a 2015 y la época: 1) si el parto ocurrió entre julio y octubre y 2) si ocurrió en otros meses. Hubo nueve niveles pues solo los años 2013 y 2015 tuvieron partos fuera de estación reproductiva (llamados partos contra estación).
3. Orden de parto (OPAR), con cuatro niveles: primer; segundo; tercer y cuarto o más partos. Este efecto clasificatorio estuvo altamente asociado ($p < 0,01$) con la edad al parto, motivo por el cual solo se empleó OPAR.
4. Tipo de parto y crianza (TPC) con cinco niveles, resultado de la combinación del número de nacidos [agrupados como uno (1) y dos o más (2 o +)] y el número de crías destetadas [agrupadas como cero (0), una (1) y dos o más (2o+)]. Por ejemplo, "21" indica un parto doble con el destete de una sola cría.
5. Días desde el parto al primer control lechero (DPPCL), con tres niveles: 1) menor a 52 días; 2) entre 52 a 75 días; y 3) mayor a 75 días.
6. Duración de lactancia (DLAC), que tuvo tres niveles: 1) la lactancia fue menor a 200 d; 2) la lactancia estuvo entre 200 d y 220 d; 3) la lactancia fue mayor a 220 d.

Antes de realizar la estimación de los componentes de varianza, se efectuó un análisis para seleccionar cuáles de estos factores clasificatorios se incluirían en el modelo estadístico para cada carácter. Este se realizó ajustando modelos mixtos unicarácter para observaciones repetidas empleando el paquete lme4 (Bates *et al.*, 2015) en el programa R (R Core Team, 2014; <https://www.r-project.org/>). Para cada carácter, el modelo incluyó los seis factores clasificatorios como efectos fijos y las ovejas como efecto aleatorio asumiendo que no estaban relacionadas. Para cada carácter, se seleccionaron los factores clasificatorios con valores p menores o iguales a 0,10.

Una vez definidos los factores clasificatorios (o efectos fijos), se consideraron los siguientes factores aleatorios para la estimación de componentes de varianza. Un componente permanente, que modeló las observaciones repetidas entre lactancias de una misma oveja, para el cual se asumió que sigue una distribución normal e independiente entre ovejas. Un componente genético aditivo, que se asumió que sigue una distribución normal multivariada con matriz de covarianzas proporcional a la matriz de relaciones aditivas (A) entre todos los individuos que conformaron la genealogía. Y, finalmente, el término del error, para el cual se asumió que sigue una distribución normal e independiente entre las ovejas y las lactancias.

Para PL, GT, PT, G% y P% se emplearon modelos lineales mixtos con observaciones repetidas. En tanto que para MSC, por su naturaleza dicotómica, se empleó un modelo umbral mixto con observaciones repetidas, asumiendo un valor igual a cero para el umbral entre presencia y ausencia de MSC, y una varianza constante para el término del error e igual a uno (Sorensen y Gianola, 2002). Tomando en consideración el carácter dicotómico de la MSC, y la conveniencia para realizar las estimaciones de los componentes de covarianza, se empleó un procedimiento bayesiano mediante el muestreo de Gibbs (Sorensen y Gianola, 2002). A tal fin, se usó el programa Threshold Model (TM) de Legarra *et al.* (2008).

Para las estimaciones se procedió de la siguiente manera. Primero, se ajustaron modelos mixtos unicarácter para cada variable respuesta; estos incluyeron los factores clasificatorios seleccionados (o sea, $p < 0,10$) y los aleatorios antes mencionados, y se realizaron estimaciones de componentes de varianza. Luego, tomando estas estimaciones como valores iniciales, se ajustaron modelos bicarácter para cada par de caracteres, un total de 15 modelos, y se realizaron las estimaciones de componentes de varianza y covarianza. Se intentó ajustar modelos con tres o más caracteres (multicarácter), pero hubo problemas numéricos de convergencia en algunos muestreos de Gibbs. Por este motivo, las estimaciones reportadas para correlaciones corresponden a los modelos bicarácter, y las de repetibilidad y heredabilidad, para cada carácter, surgen de realizar una mezcla (pool) de los cinco muestreos de las distribuciones posteriores realizadas con las estimaciones bicarácter.

En cada situación, unicarácter o bicarácter, se generó una muestra de 1×10^6 elementos (cadena única) de las distribuciones posteriores de cada componente de varianza (varianza genética aditiva, de ambiente permanente, y del error) y las respectivas covarianzas. *A priori*, los períodos de calentamiento (burn-in) fueron las primeras 1×10^5 muestras; y se tomaron valores cada 100 muestras de la cadena única para disminuir los efectos de la autocorrelación sobre las estimaciones. Se utilizó el paquete BOA (*Bayesian Output Analysis Program for MCMC*; Smith, 2005) en el programa R para comprobar la correcta convergencia de los muestreos. Se obtuvieron los siguientes gráficos: a) valor muestreado del componente de varianza en función del número de iteración (traceplot), b) las densidades de la distribución posterior de los componentes de varianza, c) las

medias de los valores muestreados de los componentes de varianza hasta una iteración en función de esta última (running mean) y d) los gráficos de autocorrelaciones de los valores muestreados de componentes de varianza para distintas iteraciones. Además, para el diagnóstico de convergencia se realizaron las pruebas de Geweke (Geweke, 1992), y de Heidelberger y Welch (Heidelberger y Welch, 1983), ambas utilizando, también, el paquete BOA. La primera probó la hipótesis de que ambas cadenas de Markov provienen de una misma distribución. Para ello, compara las medias de dos partes de la cadena: el 10% inicial y el 50% final. En tanto que la segunda prueba, calculó un estadístico para probar si la cadena muestreada corresponde a una distribución estacionaria.

Como las distribuciones posteriores fueron simétricas, se reportan las medias de estas como los estimadores puntuales de los componentes de la varianza y covarianza, fenotípicos y genéticos de cada carácter considerado: varianza genética aditiva (VGa), varianza de ambiental permanente (VEp) y varianza del error (VE); la h^2 , la repetibilidad (r). Además, se reportan los desvíos estándares de cada parámetro y los respectivos intervalos de credibilidad del 95% para cada carácter considerado. También se estimaron las correlaciones genéticas y fenotípicas, y los respectivos intervalos de credibilidad del 95% entre los caracteres estudiados.

RESULTADOS

En la tabla 1 se presentan los promedios, los desvíos estándares, medianas y valores mínimos y máximos de los caracteres de producción y composición de leche (PL, GT, PT, G% y P%). Estos fueron estimados a partir de 833 lactancias para PL y 768 para los otros caracteres registrados en el período 2009-2017. Las distribuciones de los valores fenotípicos fueron simétricas. Por su parte, para el período mencionado la incidencia de MSC fue 0,174.

Tomando en consideración un valor de p menor o igual a 0,10 para la inclusión, o no, de un factor clasificatorio, los modelos de todos los caracteres incluyeron AEP, pero ninguno incluyó EPP. A su vez, OPAR no fue incluido en el modelo de PT; TPC no lo fue para PL y PT; DPPCL no lo fue

para MSC; y en tanto que DLAC no lo fue para P% y MSC.

Las pruebas de Geweke y de Heidelberger y Welch indicaron que los muestreos convergieron a las distribuciones posteriores. El período de calentamiento de 1×10^5 fue adecuado en general, aunque en muy pocas situaciones se lo debió incrementar para obtener un muestreo estable. Los gráficos diagnósticos coincidieron claramente con los resultados de las pruebas mencionadas. Como es esperable, las autocorrelaciones disminuyeron a mayores lapsos entre muestreos. Esto ocurrió más rápido para los componentes de varianza que para los de covarianza. Las densidades, en general, fueron simétricas; las densidades que tomaron valores muy cercanos a cero, tuvieron una leve cola a derecha. Los gráficos *traceplot* y *running mean* mostraron la estacionalidad de los muestreos. Esto permite asumir que los muestreos de Gibbs representaron muestras de las distribuciones posteriores de los componentes de varianza y los parámetros genéticos que se estimaron.

En tabla 2, se presentan las estimaciones de r , en tanto que en tabla 3, las de h^2 . Se presentan medias y medianas de las distribuciones posteriores de los respectivos parámetros para cada uno de los caracteres bajo estudio como así también los desvíos estándares de las distribuciones posteriores y los intervalos de credibilidad del 95%. Por una parte, las estimaciones de r para los caracteres de producción lechera fueron intermedias, variando entre 0,41 y 0,51, en tanto que para MSC fue de 0,20. Por otra parte, las estimaciones de h^2 resultaron intermedias a bajas para los caracteres de producción, variando entre 0,21 y 0,33, mientras que para MSC fue baja, h^2 de 0,10. Acorde a la información analizada, los rangos de los intervalos de credibilidad son amplios para h^2 . Debe destacarse que, en función de las VGa y las medias fenotípicas, los coeficientes de variación genética aditiva (CVa%) resultaron de bajos a muy bajos, siendo iguales a 15, 16, 17, 7, y 3% para PL, PG, PT, G% y P%, respectivamente.

Las estimaciones de correlaciones fenotípicas y genéticas entre los caracteres bajo estudio se observan en las tablas 4 y 5, respectivamente. Las correlaciones entre PL-GT, PL-PT y GT-PT resultaron altas tanto las fenotípicas como las genéticas, con valores ente 0,92 y 0,98. Los intervalos de credibilidad de 95% para la mayoría de las co-

| Características | N | Media | DE | Mediana | Mínimo | Máximo |
|-----------------|-----|-------|------|---------|--------|--------|
| PL (l/d) | 833 | 1,0 | 0,38 | 1,0 | 0,2 | 2,2 |
| GT (g/d) | 768 | 66,3 | 26,5 | 65,4 | 12,7 | 162,1 |
| PT (g/d) | 768 | 61,7 | 24,1 | 60,9 | 9,4 | 139,9 |
| G% (%) | 768 | 6,6 | 0,91 | 6,6 | 3,8 | 10,1 |
| P% (%) | 768 | 6,1 | 0,39 | 6,1 | 4,7 | 7,9 |

Tabla 1. Estadísticas descriptivas de las observaciones fenotípicas de producción de leche acumulada en 210 días, expresadas como promedio diario, para lactancias de ovejas Pampinta con tres o más CLs entre los años 2009 y 2017.

Epígrafe: N: número de observaciones; DE: desvío estándar.

| Características | media | DE | mediana | Intervalo de credibilidad de 95% | |
|-----------------|--------|--------|---------|----------------------------------|--------|
| | | | | 2,50% | 97,50% |
| PL | 0,5109 | 0,0414 | 0,5119 | 0,4271 | 0,5892 |
| GT | 0,4643 | 0,0451 | 0,4655 | 0,3729 | 0,5492 |
| PT | 0,5085 | 0,0433 | 0,5097 | 0,4203 | 0,5897 |
| G% | 0,4118 | 0,0456 | 0,4119 | 0,3223 | 0,5001 |
| P% | 0,4204 | 0,0466 | 0,4212 | 0,3269 | 0,5095 |
| MSC | 0,2003 | 0,0534 | 0,1989 | 0,0984 | 0,3079 |

Tabla 2. Estimaciones de repetibilidad, expresadas como medias y medianas, y los desvíos estándares (DE) de las distribuciones posteriores, los respectivos intervalos de credibilidad del 95%, límites inferiores (2,5%) y superiores (97,5%), para los caracteres de producción y sanidad en ovinos Pampinta.

| Características | media | DE | mediana | Intervalo de credibilidad de 95% | |
|-----------------|--------|--------|---------|----------------------------------|--------|
| | | | | 2,50% | 97,50% |
| PL | 0,2083 | 0,0688 | 0,2066 | 0,0827 | 0,3488 |
| GT | 0,2048 | 0,0706 | 0,2029 | 0,0709 | 0,3489 |
| PT | 0,2272 | 0,0722 | 0,2251 | 0,0992 | 0,3767 |
| G% | 0,3367 | 0,0706 | 0,3417 | 0,1850 | 0,4608 |
| P% | 0,2554 | 0,0754 | 0,2536 | 0,1154 | 0,4067 |
| MSC | 0,1032 | 0,0530 | 0,0973 | 0,0198 | 0,2205 |

Tabla 3. Estimaciones de heredabilidad, expresadas como medias y medianas, y los desvíos estándares (DE) de las distribuciones posteriores, los respectivos intervalos de credibilidad del 95%, límites inferiores (2,5%) y superiores (97,5%), para las características de producción y sanidad en ovinos Pampinta.

relaciones fenotípicas no incluyeron el cero, en tanto que para las correlaciones genéticas la mayoría lo incluyó con excepción de las correlaciones genéticas entre PL-GT, PL-PT y GT-PT. Las medias de las correlaciones fenotípicas entre MSC y los caracteres productivos resultaron negativas, en tanto que las medias de las correlaciones genéticas resultaron todas positivas. Los amplios rangos de los intervalos de credibilidad para las correlaciones genéticas indican que se contó con poca información para inferir correctamente.

DISCUSIÓN

En el presente trabajo, se realizaron estimaciones de parámetros genéticos con procedimientos bayesianos para los caracteres producción de leche, grasa total, proteínas totales, porcentaje de grasa y de proteínas, y mastitis subclínica, definida como presencia/ausencia según el Test Mastitis California, en lactancias de 210 días. Para ello, primero se procedió a seleccionar los factores clasificatorios a incluir en cada modelo de estimación, empleando modelos

mixtos y los registros de los controles lecheros obtenidos en el tambo experimental de la Cabaña Pampinta de la EEA Anguil, entre los años 2009 y 2017.

Todos los caracteres analizados fueron afectados por la época y año de parto. En este sentido, es importante indicar que en el período analizado hubo una gran variabilidad de temperaturas promedio, anuales y semestrales, y de precipitaciones, lo cual es típico de la región semiárida. Esto se tradujo en que algunos años fueron muy húmedos y otros muy secos, y por ende la oferta forrajera varió más de lo esperado, generando importantes diferencias en las medias de producción de leche entre años y picos de incidencia de mastitis subclínica. Se destaca que, a diferencia de lo encontrado en la bibliografía, la edad al primer parto no resultó significativa para ninguna de las variables respuesta. Esto podría deberse a la definición de esta, que en el presente trabajo fue en semestres, cuando normalmente lo es en meses. En relación con el orden de parto y con el tipo de parto-crianza, los resultados del presente trabajo están en correspondencia con lo reportado para la raza Rambouillet por Ochoa-Cordero *et al.* (2007) y para la raza East Friesian

| Características | media | DE | mediana | Intervalo de credibilidad de 95% | |
|-----------------|---------|--------|---------|----------------------------------|---------|
| | | | | 2,50% | 97,50% |
| PL-GT | 0,9418 | 0,0048 | 0,9420 | 0,9318 | 0,9506 |
| PL-PT | 0,9860 | 0,0012 | 0,9861 | 0,9836 | 0,9882 |
| PL-G% | -0,0777 | 0,0436 | -0,0781 | -0,1628 | 0,0089 |
| PL-P% | 0,2225 | 0,0414 | 0,2230 | 0,1403 | 0,3032 |
| PL-MSC | -0,1503 | 0,0560 | -0,1507 | -0,2590 | -0,0401 |
| GT-PT | 0,9391 | 0,0051 | 0,9393 | 0,9285 | 0,9485 |
| GT-G% | 0,2203 | 0,0425 | 0,2209 | 0,1365 | 0,3022 |
| GT-P% | 0,2599 | 0,0407 | 0,2602 | 0,1789 | 0,3382 |
| GT-MSC | -0,1880 | 0,0578 | -0,1885 | -0,3000 | -0,0725 |
| PT-G% | -0,0617 | 0,0444 | -0,0618 | -0,1484 | 0,0264 |
| PT-P% | 0,3693 | 0,0384 | 0,3699 | 0,2924 | 0,4433 |
| PT-MSC | -0,1809 | 0,0576 | -0,1811 | -0,2913 | -0,0662 |
| G%-P% | 0,1553 | 0,0430 | 0,1553 | 0,0707 | 0,2400 |
| G%-MSC | -0,1052 | 0,0584 | -0,1053 | -0,2185 | 0,0100 |
| P%-MSC | -0,1822 | 0,0564 | -0,1825 | -0,2913 | -0,0707 |

Tabla 4. Estimaciones de correlaciones fenotípicas entre caracteres de producción y sanidad en ovinos Pampinta, expresadas como medias y medianas, los desvíos estándares (DE) de las distribuciones posteriores, y los respectivos intervalos de credibilidad del 95%, límites inferiores (2,5%) y superiores (97,5%).

| Características | media | DE | mediana | Intervalo de credibilidad de 95% | |
|-----------------|---------|--------|---------|----------------------------------|--------|
| | | | | 2,50% | 97,50% |
| PL-GT | 0,9024 | 0,0691 | 0,9154 | 0,7725 | 0,9639 |
| PL-PT | 0,9857 | 0,0088 | 0,9876 | 0,9633 | 0,9964 |
| PL-G% | -0,2603 | 0,2545 | -0,2755 | -0,7203 | 0,2811 |
| PL-P% | 0,1311 | 0,2675 | 0,1432 | -0,4327 | 0,6151 |
| PL-MSC | 0,2558 | 0,4971 | 0,2773 | -0,9659 | 0,9973 |
| GT-PT | 0,9216 | 0,0387 | 0,9292 | 0,8247 | 0,9729 |
| GT-G% | 0,0671 | 0,2674 | 0,0811 | -0,5032 | 0,5513 |
| GT-P% | 0,2379 | 0,2553 | 0,2566 | -0,3095 | 0,6885 |
| GT-MSC | 0,2333 | 0,4523 | 0,2346 | -0,6582 | 0,9740 |
| PT-G% | -0,2771 | 0,2409 | -0,2876 | -0,7215 | 0,2198 |
| PT-P% | 0,2737 | 0,2498 | 0,2970 | -0,2750 | 0,6865 |
| PT-MSC | 0,1292 | 0,4674 | 0,1140 | -0,7694 | 0,9648 |
| G%-P% | 0,4137 | 0,2139 | 0,4209 | -0,0208 | 0,8173 |
| G%-MSC | 0,1368 | 0,3844 | 0,1320 | -0,6273 | 0,8936 |
| P%-MSC | 0,0690 | 0,4196 | 0,0825 | -0,8647 | 0,8329 |

Tabla 5. Estimaciones de correlaciones genéticas aditivas entre caracteres de producción y sanidad en ovinos Pampinta, expresadas como medias y medianas, los desvíos estándares (DE) de las distribuciones posteriores, y los respectivos intervalos de credibilidad del 95%, límites inferiores (2,5%) y superiores (97,5%).

por Kremer *et al.* (2015): la producción lechera aumentó con el número de lactancia y el número de crías nacidas. En relación con los días desde el parto al primer control lechero y la duración de lactancia, estos no resultaron necesarios para corregir la presencia/ausencia de mastitis subclínica.

Las repetibilidades para los caracteres productivos resultaron entre 0,41 y 0,51 indicando que un registro fenotípico sería un buen predictor de la futura producción, pues alrededor del 50% del carácter dependería del componente genético (total) más el ambiente permanente. Las estimaciones fueron mayores que las reportadas por Ramón *et al.* (2006) para la raza Manchegas, y para el porcentaje de proteína reportado por Serrano *et al.* (2001). Esto puede deberse a que, en el presente trabajo, se analizó un solo predio favoreciendo la estabilidad del ambiente entre contemporáneos. Sin embargo, para mastitis subclínicas la repetibilidad resultó baja, tan solo 0,20. Esto indica la influencia del ambiental en la expresión de esta característica, resaltando la importancia de implementar manejos y rutinas de ordeño adecuados para disminuir la incidencia de esta enfermedad que afecta la calidad de la leche.

En general, las estimaciones de heredabilidad y de correlaciones genéticas para los caracteres de producción se encontraron dentro de los rangos reportados en la revisión bibliográfica de Carta *et al.* (2009). Para producción de leche, se obtuvo una estimación de 0,21 que está en concordancia con las reportadas previamente. Por una parte, en la misma población y con la misma definición de PL, pero empleando registros productivos generados entre los años 2001 y 2006, Maizon *et al.* (2008) reportaron una h^2 levemente menor de 0,18, pero dentro de un desvío estándar de esta. Por otra parte, Ligda *et al.* (2000) reportaron una estimación de 0,23 para la raza Chíos con producción acumulada a 180 días y Legarra y Ugarte (2001) una h^2 de 0,20 para la raza Latxa con producción acumulada a 120 días. La estimación del presente trabajo fue levemente superior a la reportada (0,15) por Hamann *et al.* (2004) para la raza East Friesian. Cabe recordar que Pampinta se origina a partir de esta última raza. También fue superior a la reportada (0,16) por Ramón *et al.* (2006) con producción acumulada a 120 días a 120 días en la raza Manchega. Estas diferencias se deben, fundamentalmente, a que las h^2 fueron estimadas en distintas poblaciones y siendo parámetros poblaciones estas *a priori* van a diferir, al cual se le suma una multiplicidad de condiciones ambientales y de manejos.

Las estimaciones de heredabilidad para grasa total y proteína totales resultaron levemente superiores a las reportadas por Legarra y Ugarte (2001) para la raza Latxa y por Hamann *et al.* (2004) en East Friesian. La heredabilidad estimada para porcentaje de grasa resultó sustancialmente mayor en Pampinta que las estimadas en las razas Latxa (Legarra y Ugarte, 2001), East Friesian (Hamann *et al.*, 2004) y Manchega (Ramón *et al.*, 2006). En tanto que la estimada para porcentaje de proteínas fue intermedia a las obtenidas para Latxa y East Friesian, por Legarra y Ugarte (2001) y Hamann *et al.* (2004), respectivamente, y se asemejó a la estimada para la raza Manchega en lactancia de 150 días, mediante un modelo del día de control lechero

(Serrano *et al.*, 2001) y para la misma raza en lactancia acumulada a 120 días (Ramón *et al.*, 2006).

Para mastitis subclínica la estimación de heredabilidad fue 0,10 en ovejas Pampinta. Es importante destacar que para esta característica no se han reportado estimaciones de heredabilidad previamente. La estimación resultó levemente inferior a las estimaciones para recuento de células somáticas, característica que se usa para seleccionar indirectamente por resistencia a mastitis. Por ejemplo, Hamann *et al.*, (2004) reportaron una heredabilidad de 0,16 para East Friesian, Barillet *et al.* (2001) reportaron una heredabilidad de 0,15 en la raza Lacaune, en tanto que Riggio *et al.* (2007) estimaron una de 0,14 para la raza Valle del Belice. Aunque estas son mayores, la medición de rutina para mastitis subclínica mediante el Test Mastitis California resultaría mucho más económica, y, por lo tanto, posible de adoptar a nivel nacional.

Por una parte, las estimaciones de las correlaciones fenotípicas resultaron negativas entre mastitis subclínicas y los caracteres productivos. Esto indicaría, por ejemplo, que ambientes favorables aumentarían la producción y disminuirían la incidencia de mastitis subclínicas, lo cual es esperable. Por otra parte, las estimaciones de las correlaciones genéticas estuvieron, en general, dentro de los rangos informados en la revisión bibliográfica de Carta *et al.* (2009). La excepción fueron las correlaciones entre porcentaje de proteínas con grasa total y con proteínas totales; estas, en el presente trabajo, fueron positivas, en tanto que el rango informado por Carta *et al.* (2009) fue negativo. Esto implica que si aumenta la producción de leche por selección también aumentará la incidencia de mastitis subclínicas. Sin embargo, como el conjunto de datos fue pequeño y las estimaciones de correlaciones requieren un importante número de observaciones, las estimaciones del presente trabajo tienen poca precisión. Para East Friesian, Hamann *et al.* (2004) reportaron correlaciones genéticas entre recuento de células somáticas con caracteres de producción cercanas a cero.

Aunque un gran desafío, como las estimaciones de correlaciones genéticas son bajas, sería posible seleccionar para mejorar la producción de leche y composición, y, a su vez, reducir la incidencia de mastitis subclínica. La variabilidad genética aditiva es suficiente para emplear estas características como criterios de selección en la mejora de ovinos lecheros Pampinta. Por último, cabe destacar, una vez más, la importancia de realizar estudios en poblaciones locales debido a que las estimaciones de los parámetros genéticos de las características de interés productivo varían según la raza, el ambiente y la definición de las características, como se comprueba por las diferencias observadas con los resultados reportados en la bibliografía.

AGRADECIMIENTOS

El presente trabajo fue parte del Proyecto Específico 1126033 del Programa Nacional de Producción Animal de INTA. MFS fue Becaria de Doctorado del CONICET durante el desarrollo de este.

BIBLIOGRAFÍA

- BARILLET, F.; RUPP, R.; MIGNON-GRASTEAU, S.; ASTRUC, J.M.; JACQUIN, M. 2001. Genetic analysis for mastitis resistance and milk somatic cell score in French Lacaune dairy sheep. *Genet. Sel. Evol.* 33, 397-415.
- BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.M.; WALKER, S.C. 2015. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. *Journal of Statistical Software* 67 (1). (Disponible: <https://www.jstatsoft.org/article/view/v067i01> verificado: 05 de abril de 2018).
- CARTA, A.; CASU, S.; SALARIS, S. 2009. Invited review: Current state of genetic improvement in dairy sheep. *J. Dairy Sci.* 92, 5814-5833.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. 4.ª Edición. Editorial Longman, Londres. 480 p.
- GEWEKE, J. 1992. Evaluating the accuracy of sampling based approaches to the calculation of posterior moments. En: BERNARDO, J.M.; BERGER, J.O.; DAWID, A.P.; SMITH, A.F.M. (eds.). *Bayesian Statistics 4*, Oxford: Oxford University Press. 169-193 pp.
- HAMANN, H.; HORSTICK, A. 2004. Estimation of genetic parameters for test day milk production, somatic cell score and litter size at birth in East Friesian ewes. *Livest. Prod. Sci.* 87, 153-160.
- HARMON, R.J. 1994. Physiology of mastitis and factors affecting somatic cell counts. *J. Dairy Sci.* 77, 2103-2112.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. 1983. Simulation Run Length Control in the Presence of an Initial Transient. *Oper. Res.* 31, 1109-1144.
- KREMER, R.; GIORDANO, J.P.; ROSÉS, L.; RISTA, L. 2015. Producción de ovejas Milchschaaf en un sistema lechero en pastoreo. *Veterinaria (Montevideo)* 51, 12-23.
- LEGARRA, A.; UGARTE, E. 2001. Genetic parameters of milk traits in Latxa dairy sheep. *Anim. Sci.* 73, 407-412.
- LIGDA, C.H.; GABRIILIDIS, G.; PAPADOPOULOS, T.H.; GEORGIOUDIS, A. 2000. Estimation of genetic parameters for production traits of Chios sheep using a multitrait animal model. *Livest. Prod. Sci.* 66, 217-221.
- MAIZON, D.O.; BUSETTI, M.R.; SUÁREZ, V.H. 2008. Parámetros Genéticos para Producción Lechera en Ovinos Pampinta. *Journal of Basic & Applied Genetics*. XIX (Supp.1), 186.
- MAIZON, D.O.; ETCHEGARAY, J.L.; BUSETTI, M.R.; GIGLI, I. 2011. Control lechero y mejora genética en ovinos Pampinta. *Revista Argentina de Producción Animal*. 31 (Supp.1), 117.
- OCHOA-CORDERO, M.A.; TORRES-HERNANDEZ, G.; MANDEVILLE, P.B.; DIAZ-GOMEZ, M.O. 2007. Effects of physiological and management factors on the milk composition of Rambouillet ewes. *Agrociencia*. 41, 263-270.
- R CORE TEAM. 2014. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. (Disponible: <http://www.R-project.org/> verificado: 05 de abril de 2018).
- RAMÓN, M.; FERNÁNDEZ-PEREA, M.T.; PÉREZ-GUZMÁN, M.D.; SÁNCHEZ, P.J.; SERRANO, M. 2006. Parámetros genéticos de los caracteres lecheros en la raza ovina manchega. *ITEA*. 102, 115-121.
- RIGGIO, V.; FINOCCHIARO, R.; VAN KAAM, J.B.C.H.M.; PORTOLANO, B.; BOVENHUIS, H. 2007. Genetic parameters for milk somatic cell score and relationships with production traits in primiparous dairy sheep. *J. Dairy Sci.* 90, 1998-2003.
- SCHALM, O.W.; NOORLANDER, D.O. 1957. Experiment and observations leading to development of the California mastitis test. *J. Am. Vet. Med. Assoc.* 5, 199-207.
- SERRANO, M.; UGARTE, E.; JURADO, J.J.; PEREZ-GUZMAN, M.D.; LEGARRA, A. 2001. Test day models and genetic parameters in Latxa and Manchega dairy ewes. *Livest. Prod. Sci.* 67, 253-264.
- SORENSEN, D.; GIANOLA, D. 2002. Likelihood, Bayesian, and MCMC methods in quantitative genetics. Springer-Verlag, Nueva York. 740 p.
- SUÁREZ V.H.; BUSETTI, M.R.; MIRANDA, A.O.; CALVINHO, L.F.; BEDOTTI, D.O.; CANAVESIO, V.R. 2002. Effect of Infectious Status and Parity on Somatic Cell Count and California Mastitis Test in Pampinta Dairy Ewes. *J. Vet. B. Infect. Dis. Vet. Public Health* 49, 1-5.
- SUÁREZ, V.H.; BUSETTI, M.R. 1999. Lechería ovina y aptitud lechera de la raza Pampinta. *Boletín de divulgación técnica* N.º 63, 61 p.
- SUÁREZ, V.H.; BUSETTI, M.R. 2009. Encuesta descriptiva sobre Prácticas de Ordeño, Manejo y Producción en el Tambo Ovino. *Vet. Arg.* xxvi, 256.