

## GENÉTICA Y MEJORAMIENTO ANIMAL

**GM 1** Estimación paramétrica en modelos con efectos ambientales maternos no independientes en Angus. **Suárez, M.J. y Cantet, R.J.C.** Fac.Agron., UBA, Buenos Aires. CONICET. msuarez@agro.uba.ar

*Parametric estimation in models with non-independent maternal environmental effects in Angus*

Dado que estimaciones altamente negativas de la correlación genética directa - materna ( $r_{dm}$ ) afectan desfavorablemente la respuesta a la selección, Raquel Quintanilla propuso incluir en el modelo animal con efectos maternos, una correlación ( $\lambda$ ) entre los efectos ambientales maternos permanentes de una madre y sus hijas que, a su vez, son madres. Consecuentemente, los objetivos de esta investigación fueron: 1) Estimar los componentes de (co)varianza para el modelo de Quintanilla (MMQ) en un rodeo de pedigrí de la raza Angus; 2) Analizar el efecto de incluir el parámetro  $\lambda$  sobre la estimación de  $r_{dm}$ . Para ello se ajustaron el MMQ y el modelo materno tradicional (MM). La diferencia entre ambos modelos consiste en que, en el MMQ la inclusión de  $\lambda$  dentro de la matriz de covarianzas de los efectos ambientales maternos refleja asociación entre las variables aleatorias de madres y sus hijas madres, mientras que en el modelo convencional los efectos ambientales son independientes. Los datos empleados provenían de un rodeo de pedigrí Angus del noroeste de la provincia de Buenos Aires. La base contó con 7229 pesos al destete (PD), medidos en animales nacidos entre los años 1974 a 2008, y una genealogía de 9936 animales registrados, hijos de 747 padres y 3404 madres. Hubo además 1905 abuelas maternas identificadas. Este punto fue vital a la hora de elegir el archivo de datos, debido a la necesidad de contar con relaciones de parentesco informativas, fundamentalmente por vía materna, para estimar la compleja estructura de dispersión de los modelos. No se tuvieron en cuenta registros de animales nacidos por transplantes embrionarios ni los partos de mellizos. El PD promedio fue  $205,3 \pm 40,3$  kg y la edad promedio fue  $194 \pm 23$  días. Los efectos fijos ajustados fueron la edad del ternero, el sexo, la edad de la madre (4 clases) y los grupos de contemporáneos (96 niveles). Entre los efectos aleatorios se encontraron los valores de cría directos y maternos, los efectos ambientales maternos permanentes, además del error. Todos los parámetros fueron estimados mediante un algoritmo Bayesiano conjugado de muestreo de Gibbs. El algoritmo se corrió durante 100.000 ciclos y las primeras 2.000 iteraciones fueron descartadas. En cada iteración del muestreo, se expresaron las (co)varianzas en términos de heredabilidades y correlaciones:  $h_{AO}^2$  directa,  $h_{Am}^2$  materna,  $r_{dm}$ . El parámetro  $c^2$  representa la fracción de la varianza fenotípica debida a los efectos ambientales maternos permanentes. La convergencia de los parámetros fue evaluada a través de la observación de los promedios acumulados por iteración. No se detectó ausencia de convergencia para ningún parámetro. En el Cuadro 1 se muestran las medias marginales posteriores (con sus desvíos) para  $\lambda$ ,  $h_{AO}^2$ ,  $h_{Am}^2$ ,  $r_{dm}$ ,  $c^2$  y de la variación residual ( $\sigma_{EO}^2$ ) para ambos modelos. Las medianas y los modos marginales posteriores presentaron valores muy similares a las medias marginales posteriores, razón por la cual estos resultados no se incluyen en el Cuadro 1.

**Cuadro 1:** Medias marginales posteriores de los parámetros estimados en MMQ y MM, para el carácter PD.

Parámetros	MMQ	MM
$\lambda$	-0,29 ± 0,07	---
$h_{AO}^2$	0,21 ± 0,08	0,16 ± 0,02
$h_{AM}^2$	0,17 ± 0,00	0,09 ± 0,02
$r_{AGAm}$	-0,21 ± 0,08	-0,71 ± 0,08
$c^2$	0,07 ± 0,01	0,15 ± 0,02
$\sigma_{EO}^2$	487,99 ± 6,57	495,99 ± 7,34

La estimación de  $\lambda$  fue negativa, en coincidencia con las otras dos estimaciones previas en la literatura. En el MMQ, los valores de  $h_{AO}^2$  y  $h_{AM}^2$  fueron 0,05 y 0,08 unidades superiores, mientras que  $c^2$  se redujo notablemente (más del doble), respecto de similares estimaciones en MM. Los valores de  $\sigma_{EO}^2$  en ambos modelos fueron similares. La inclusión de I redujo drásticamente la magnitud de  $r_{AGAm}$  en 0,5 unidades. Los resultados obtenidos sugieren que la inclusión de  $\lambda$  en el modelo disminuye el sesgo de estimación de  $r_{AGAm}$ .

**Palabras clave:** estimación Bayesiana, efectos ambientales maternos permanentes, correlación genética directa-materna.

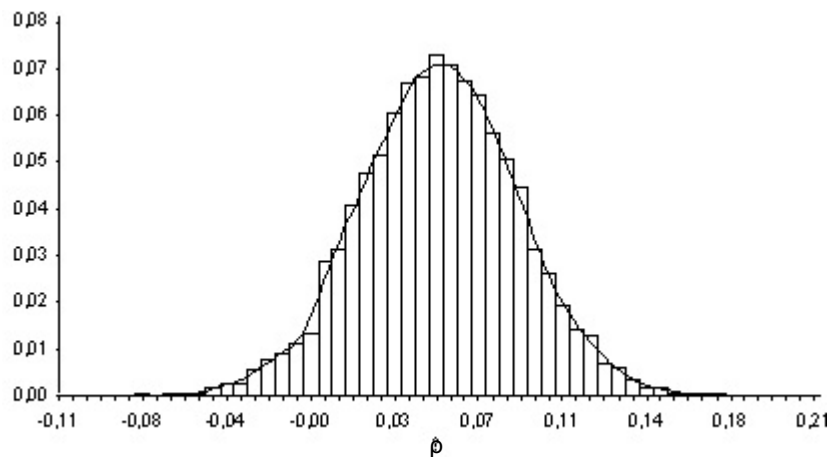
**Key words:** Bayesian estimation, maternal permanent environmental effects, genetic correlation between direct and maternal effects.

**GM 2** Estimación de la correlación residual madre-progenie para peso al destete.  
**Munilla Leguizamón, S. y Cantet, R.J.C.** Fac.Agron., UBA, Buenos Aires. munilla@agro.uba.ar

*Estimation of the residual dam-offspring correlation for weaning weight*

Estimaciones muy negativas de la correlación genética directa-materna para peso al destete en bovinos de carne son frecuentes en la literatura, aunque son tomadas con escepticismo por los investigadores. En general, se acepta que las estimaciones están sesgadas por una asociación negativa de naturaleza ambiental entre efectos maternos en generaciones adyacentes, que el modelo animal con efectos maternos clásico (MAM) no contempla. Para remediar este problema, se han propuesto varias formulaciones alternativas del MAM. Estas incluyen: regresar el fenotipo de la madre en el dato del individuo, ajustar por el efecto de abuela materna, incluir una interacción aleatoria (típicamente, padre × grupo de contemporáneos) y modelar la estructura de covarianzas de los efectos ambientales maternos permanentes, entre otras. Una última alternativa, poco explorada aún, consiste en modificar la matriz de covarianzas del término del error del modelo de modo que incluya un parámetro de correlación,  $\rho$ , entre pares

de observaciones madre-progenie. Al respecto, un estudio de simulación demostró que si esta correlación residual es significativa y no es incluida en el modelo, entonces la estimación de la correlación genética se ve fuertemente sesgada. Desafortunadamente, hasta la fecha no existen en la literatura estimaciones de  $\rho$  para peso al destete, probablemente porque no pueden aplicarse técnicas estadísticas estándares para su estimación. Recientemente hemos desarrollado y programado en Fortran 90 un procedimiento de estimación Bayesiano, basado en un algoritmo que se conoce como *Griddy Gibbs sampler*. El objetivo de este trabajo fue ajustar el modelo a datos de campo y obtener una estimación de la correlación residual madre-progenie. Los datos pertenecen a la empresa "Estancias y Cabañas Las Lilas", y consisten en 7229 registros de peso al destete de terneros Angus. En un análisis preliminar, se obtuvieron 3 cadenas de 5.000 iteraciones inicializadas en puntos dispersos del soporte estimado de la distribución marginal posterior de cada uno de los componentes de (co)varianza del modelo. Por inspección de las gráficas de los muestreos en función del número de ciclos (*trace plots*) se determinó un período de calentamiento (*burn-in*) de 1.400 ciclos. Luego, se determinó la convergencia a la distribución marginal posterior mediante el test de Gelman y Rubin, ejecutado a través del programa BOA, bajo entorno R. Finalmente, se obtuvieron 35.000 iteraciones, y se computaron los estadísticos posteriores y la distribución marginal posterior estimada de  $\rho$  (Figura 1). La distribución resultó claramente unimodal y simétrica, con una media de 0,05 ( $\pm 0,03$ ) y un intervalo de alta densidad posterior del 95% entre (-0,01; 0,12), lo cual refleja que el modelo pone una enorme masa sobre valores positivos, aunque pequeños, del parámetro.



**Figura 1:** Distribución marginal posterior estimada de  $\rho$

**Palabras clave:** bovinos de carne, modelo animal con efectos maternos, componentes de (co)varianza, inferencia Bayesiana.

**Key words:** beef cattle, maternal animal model, (co)variance components, Bayesian inference.

**GM 3** Estimación del tamaño efectivo en Braford Argentino. **Alvarez Dolinar, A.V., Birchmeier, A.N. y Cantet, R.J.C.** Fac.Agron., UBA, Buenos Aires. CONICET. andreaa\_139@hotmail.com

*Estimation of the effective population size in Argentine Braford*

Una fracción importante de los animales que constituyen una raza vacuna compuesta de creación reciente, como por ejemplo Braford, tiene uno o ambos progenitores desconocidos. Consecuentemente la consanguinidad calculada a través del pedigree subestima el verdadero valor poblacional. Por lo tanto, la variabilidad genética debe estimarse mediante métodos demográficos basados en la inversa del tamaño efectivo de la población ( $N_e$ ). El objetivo de este trabajo fue calcular el  $N_e$  en animales Braford de Argentina, registrados en el programa de evaluación de reproductores PEGBra. La formulación del tamaño efectivo empleada fue la de W. G. Hill para especies con generaciones superpuestas, e igual a:

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{16ML} \left[ 2 + V_{mm} + 2 \left( \frac{M}{F} \right) C_{m,mf} + \left( \frac{M}{F} \right)^2 V_{mf} \right] + \frac{1}{16FL} \left[ 2 + V_{fm} + 2 \left( \frac{F}{M} \right) C_{f,mf} + \left( \frac{F}{M} \right)^2 V_{ff} \right]$$

El número de toros ( $M$ ) y vacas ( $F$ ) en la población fue estimado como el promedio anual de padres y madres de los terneros nacidos entre 2005 y 2008, e iguales a  $M = 320$  y  $F = 14156$ . Los parámetros de dispersión del número de hijos reproductores de machos y hembras, respectivamente fueron: 1) la varianza de los hijos toros de los padres,  $V_{mm} = 5,15$ ; 2) la covarianza entre los hijos toros y vacas de los padres,  $C_{m,mf} = 55,7$ ; 3) la varianza de las hijas vacas de los padres,  $V_{mf} = 16687,3$ ; 4) la varianza de los hijos toros de las madres,  $V_{fm} = 2,81$ ; 5) la covarianza entre los hijos toros y vacas de las madres,  $C_{f,mf} = 1,85$ , y 6) la varianza de las hijas vacas de las madres,  $V_{ff} = 2,67$ . Los parámetros de los machos fueron estimados empleando la progenie de 120 padres de toros y vacas, mientras que los de las hembras fueron calculados sobre la progenie reproductiva de 76 vacas madres de toros y vacas. El intervalo generacional promedio ( $L$ ) fue estimado sobre todos los animales disponibles entre 2005 a 2009 e igual a  $L = 5,68$  años. Al emplear todos estos valores en la expresión que se halla más arriba se obtuvo  $N_e = 198,76$ . Este tamaño efectivo expresado en términos del cambio en la consanguinidad representa 0,0025 unidades, es decir un leve incremento de 0,25% por año. La variabilidad genética encontrada sería entonces superior a la que se observa en muchas poblaciones de vacunos de carne.

**Palabras clave:** tamaño efectivo de la población, Braford, consanguinidad.

**Key words:** effective population size, Braford, inbreeding.

**GM 4** Análisis de supervivencia aplicado al carácter vida productiva en ganado Holstein Colombiano. **Bernal Rubio, Y.L. y Cantet, R.J.C.** Fac.Agron., UBA, Buenos Aires. CONICET. ylbernal@agro.uba.ar

*Survival analysis applied to productive life in Colombian Holstein dairy herds.*

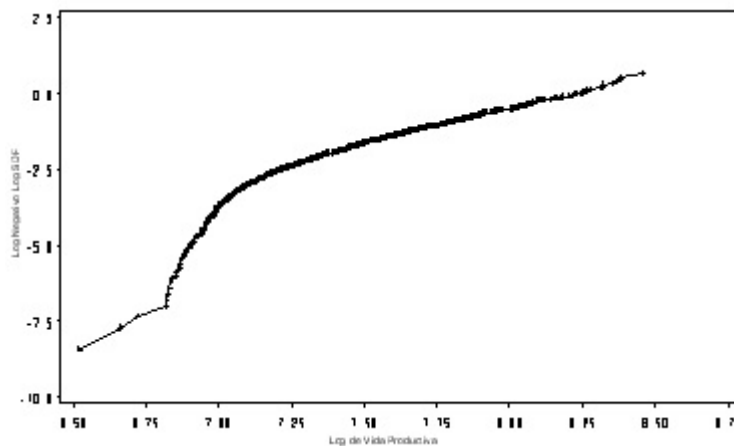
La vida productiva, definida generalmente como el tiempo entre el primer parto y el descarte o tiempo de censura, es un carácter de gran interés para el mejoramiento animal a pesar de ser de baja heredabilidad (0,02 a 0,08). El análisis de supervivencia y, específicamente, los Modelos

de Riesgo Proporcional, involucran entre otras, la función de riesgo  $\lambda(t)$  y la de supervivencia,  $S(t)$ . El objetivo del presente trabajo es aplicar dicha metodología a la estimación de componentes de varianza en toros Holstein Colombiano, para el carácter vida productiva, empleando un modelo Weibull de riesgo proporcional. Se analizaron 4546 registros de vida productiva de vacas Holstein, hijas de 431 toros, recopilados entre 1990 a 2006, en 122 tambos colombianos. Debido al desconocimiento de las fechas de descarte, la vida productiva fue calculada como el tiempo en días entre el primer parto y la última lactancia conocida. Se consideró como censuradas (79,3%) a aquellas vacas que estaban en producción al momento del análisis. Los efectos fijos tiempo-independientes fueron el número de lactancias y la edad al primer parto, y como efecto aleatorio la mitad del valor de cría del toro. La varianza de padre fue estimada empleando el programa Survival Kit, ajustando un *modelo de padre* y asumiendo una distribución Weibull para  $\lambda_0(t)$ . El modelo Weibull de riesgo proporcional evaluado fue  $\lambda(t, z) = \lambda_0(t) \exp[x'(t) b + z'u]$ , siendo  $\lambda(t, z)$  el riesgo de que una vaca sea eliminada en el tiempo  $t$ ,  $\lambda_0(t) = \lambda \rho (\lambda t)^{\rho-1}$  la función de riesgo base Weibull con  $\lambda$  y  $\rho$  parámetros de escala y forma respectivamente;  $b$  es el vector de soluciones para los efectos fijos y  $u$  es el vector de los valores de cría. Se tuvieron en cuenta tanto una heredabilidad “corregida” por la proporción de

registros no censurados  $p$ , y definida por  $\hat{h}_c^2 = \frac{4\sigma_u^2}{\sigma_u^2 + p^{-1}}$ , como  $h_{ay}^2 = \frac{4\sigma_u^2}{\sigma_u^2 + 1}$  a

, la cual

representa la heredabilidad sin observaciones censuradas. El promedio y desvío estándar para edad al primer parto, número de partos y vida productiva fueron  $934,8 \pm 171,6$  días,  $5,0 \pm 2,0$  y  $1756,3 \pm 702,7$  días, respectivamente. Para chequear el ajuste del modelo Weibull, se recurrió al test gráfico del  $\text{Ln}[-\ln S(t)]$  versus  $\ln(t)$  (Figura 1):



**Figura 1:** Test gráfico del supuesto Weibull.

por lo que si el modelo Weibull es apropiado, la regresión debe ser aproximadamente lineal. De acuerdo con el gráfico, el supuesto de una única función de riesgo base Weibull en todo el espacio de la variable no se cumple. Sin embargo, la recta fue mas estable a partir del  $\ln(t)=7,0$  (aproximadamente 1096 días). Esto sugiere la necesidad de ajustar distintas funciones de riesgo base para cada uno de los intervalos. Solamente el número de partos fue significativo

( $p < 0,0001$ ). Las estimaciones para los parámetros de forma y escala de la distribución Weibull fueron 5,49 y 0,18, respectivamente. La estimación de la correlación fenotípica entre número de partos y vida productiva fue 0,90, la varianza entre padres 0,02, la heredabilidad "corregida" 0,0165 y la heredabilidad efectiva 0,0784. Por lo tanto, y aunque la estimación de la varianza entre padres es similar al promedio de la literatura, el elevado nivel de censura presente en los datos posiblemente causó bajos valores estimados de heredabilidad, así también como altos valores de las estimaciones paramétricas para la distribución Weibull.

**Palabras clave:** Modelos de riesgo proporcional, censurado, componentes de varianza.

**Key words:** Proportional hazard models, censoring, variance components

**GM 5** Asociación de polimorfismos en genes vinculados a la regulación del crecimiento con variables de interés productivo en novillos Brangus. **Baeza, M.C., Corva, P.M., Soria, L., Rincón, G., Medrano, J.F., Pavan, E., Villarreal, E.L., Schor, A., Melucci, L.M., Mezzadra, C.A. y Miquel, M.C.** ANPCyT. Fac.Cs.Agr., UNMdP. Fac.Cs.Vet., UBA. Dep.Prod.Anim., Univ.California, Davis. INTA EEA, Balcarce. Fac.Agron., UBA, Buenos Aires. cecinini@hotmail.com

*Association of polymorphisms in growth related genes with carcass traits in Brangus steers*

Los genes vinculados a la vía de la hormona de crecimiento (GH) son responsables de disparar una cadena de señales intercelulares necesarias para el desarrollo y el crecimiento. Develar el modo en que esos genes afectan el crecimiento del animal es de gran importancia para el sector productivo. El objetivo de este trabajo fue evaluar la asociación entre polimorfismos en genes relacionados a la vía metabólica de GH y caracteres fenotípicos de tamaño y composición en bovinos Brangus. Se utilizaron 177 novillos de razas continentales y británicas y 246 novillos Brangus, ambos criados en un sistema de pastoreo representativo de la región. Los animales fueron faenados a espesor de grasa dorsal uniforme. Se registró peso vivo final (PESO), peso de la res (RES), peso de grasa de riñonada (GR), área del ojo de bife (AOB\_US) y espesor de grasa dorsal (EGD\_US) a nivel de la última costilla, medidos por ultrasonografía. Se determinó el porcentaje de grasa intramuscular (%GIM) en músculo *L. dorsi* (11<sup>a</sup> a 13<sup>a</sup> costillas) 24 h *post-mortem*. Los genotipos fueron obtenidos a partir de DNA genómico utilizando un panel de 12 SNPs (*Single Nucleotide Polimorphisms*) conformado por dos polimorfismos en el gen GHR (*Growth Hormone Receptor*), uno en IGF1 (*Insulin-like Growth Factor*), uno en IGFBP6 (*Insulin-like Growth Factor Binding Protein 6*), uno en PMCH (*Pro-Melanin-Concentrating Hormone*), uno en SOCS2 (*Suppressor of Citokyne Signaling 2*) y seis polimorfismos en STAT6 (*Signal transducer and activator of transcription 6*). Se estimaron frecuencias alélicas y genotípicas. Se evaluó equilibrio de Hardy-Weinberg y desequilibrio de ligamiento. Se estimaron los haplotipos para GHR y STAT6 (Cuadro 1). La asociación entre las variables productivas y los polimorfismos identificados en el grupo Brangus se evaluó por análisis de la varianza en un modelo lineal con efectos fijos del SNP, grupo contemporáneo y ciclo. Los polimorfismos en IGF1, IGFBP6, PMCH y SOCS2 no resultaron significativos ( $\alpha=0,05$ ). El efecto de los SNPs GHR-125351, GHR-125634 y STAT6-20244 en el %GIM fue significativo ( $p=0,0124$ ,  $p=0,0247$  y  $p=0,0141$ , respectivamente). Animales con genotipos GG para GHR-125634 presentaron 0,52% más %GIM que aquellos con genotipos AA, a su vez que, genotipos CC para STAT6-20244 resultaron 0,4% superiores en %GIM que sus respectivos heterocigotos. El genotipo GG para GHR-125351 fue asociado a un %GIM menor (-0,53%) con respecto al genotipo AA. Por otra parte, GHR-125634 y STAT6-25999 mostraron un efecto significativo para EGD\_US ( $p=0,0007$

y  $p=0,007$ , respectivamente), siendo los genotipos GA y TT respectivamente, los que presentaron valores superiores de EGD\_US. El alelo G de GHR-125634 estaría contribuyendo a un mayor %GIM y EGD\_US. A diferencia del grupo europeo, en el que no se detectó el polimorfismo, en el grupo Brangus, la presencia del alelo A, asociado a menor %GIM, podría vincularse al material genético aportado por la raza Brahman en la cruce. El mismo razonamiento podría extenderse para STAT6-25999 en relación a EGD\_US. Las frecuencias haplotípicas de GHR, indicarían que en la población Brangus están segregando tanto el alelo de GHR-125634 asociado a un mayor %GIM como el alelo de GHR-125351 con un efecto contrapuesto (Cuadro 1). La asociación encontrada y la distribución de frecuencias observadas dan indicios para avanzar en el estudio de estos SNPs como potenciales candidatos para ser utilizados en selección asistida por marcadores.

**Cuadro 1:** Frecuencias alélicas, genotípicas y de haplotipos de novillos europeos y Brangus para GHR y STAT6.

SNP	Grupo europeo				Grupo Brangus					
	FAM*	dd	Dd	DD	FAM*	dd	Dd	DD		
GHR-125351	G	0,46	0,22	0,48	0,29	A	0,37	0,20	0,34	0,46
GHR-125634	-	-			1,00	A	0,31	0,10	0,41	0,48
STAT6-14636	C	0,34	0,11	0,47	0,43	C	0,14	0,04	0,21	0,75
STAT6-15239	-	-			1,00	T	0,19	0,03	0,31	0,66
STAT6-16084	A	0,13	0,01	0,25	0,74	A	0,13	0,01	0,25	0,74
STAT6-19597	A	0,29	0,07	0,44	0,50	A	0,24	0,04	0,39	0,56
STAT6-20244	-	-			1,00	T	0,09		0,16	0,83
STAT6-25999	-	-			1,00	C	0,37	0,13	0,48	0,39
Gen	Haplotipo		Frecuencia		Haplotipo		Frecuencia			
GHR	A-G		0,535		A-G		0,382			
	G-G		0,462		G-G		0,310			
					G-A		0,308			
STAT6	C-C-C-G-C-T		0,340		G-C-C-A-C-T		0,237			
	G-C-C-A-C-T		0,282		G-T-C-G-C-C		0,187			
	G-C-C-G-C-T		0,245		C-C-C-G-C-T		0,142			
	G-C-A-G-C-T		0,129		G-C-A-G-C-T		0,132			
					G-C-C-G-C-T		0,112			
					G-C-C-G-C-C		0,099			
					G-C-C-G-T-C		0,079			

\* Frecuencia alélica menor.

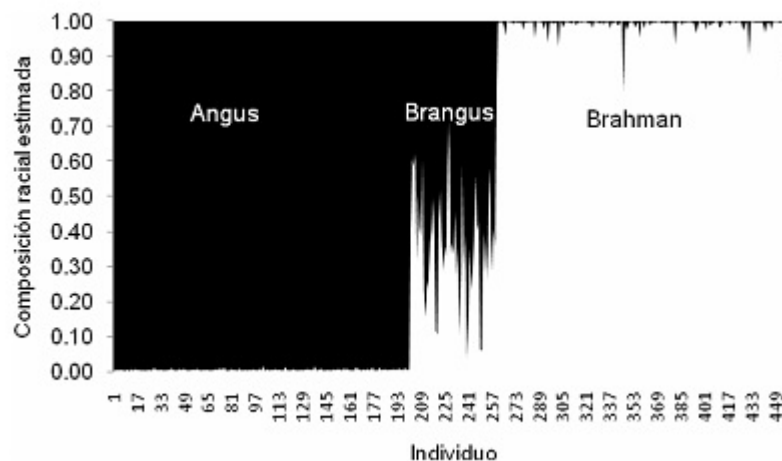
**Palabras clave:** GHR, STAT6, grasa intramuscular, espesor de grasa dorsal, Brangus.  
**Key words:** GHR, STAT6, intramuscular fat, rib fat, Brangus.

**GM 6** Análisis genético de la estructura poblacional de la raza Brangus mediante marcadores moleculares. **Macor, L., Corva, P.M., Cerruti, M. y Martínez, M.M.** Fac.Cs.Agr., UNMdP. Lab. Genética Aplicada. Soc.Rur.Arg. laura.macor@gmail.com

*Genetic analysis of population structure in Brangus cattle using molecular markers*

Las razas compuestas con participación de cebú, como la raza Brangus, tienen un rol cada vez más relevante en la ganadería. Esto estimula su caracterización genética, con la finalidad de incrementar progresivamente su adaptabilidad, nivel de producción y calidad de producto. La creación de una nueva raza por la combinación de otras dos contrastantes (Angus y Brahman) genera particularidades en su estructura genética. En este sentido, un aspecto de importancia práctica es la evaluación de reproductores. La heterocigosidad de la raza compuesta da origen a cierto grado de heterosis residual, que debe ser contabilizada en los modelos de evaluación. Para ello, es importante determinar con la mayor precisión posible la proporción de material genético de cada raza en un reproductor en particular. El Laboratorio de Genética Aplicada de la Sociedad Rural Argentina ha implementado un sistema de análisis genético basado en microsatélites de acuerdo a estándares internacionales, para la confirmación de identidad y la verificación de parentesco en varias especies domésticas incluyendo bovinos para carne. Aparte de cumplir con los requisitos de las asociaciones de criadores, la base de datos generada constituye un recurso muy poderoso para la investigación en genética animal. En este trabajo se propuso aprovechar la información de genotipos disponible en el Laboratorio de la SRA, para estimar la contribución de genética de Angus o cebú en reproductores Brangus. Para el análisis de la estructura de la población se utilizó el programa Structure, basado en un algoritmo Bayesiano que infiere la existencia de distintas poblaciones en una muestra y asigna a los individuos a una población en particular, en base al análisis de la frecuencia de microsatélites. El Laboratorio de la SRA proveyó las fórmulas de genotipos correspondientes a un panel de 21 microsatélites. Se contó con la información de 200 reproductores Angus y 200 reproductores Brahman, a los que se agregaron 59 toros Brangus para la comparación de la estructura poblacional. El análisis con *Structure* discriminó correctamente a los individuos de dos razas puras (Angus y Brahman) y determinó la existencia de un tercer grupo (Brangus) producto de la mezcla de las mismas (Figura 1). De los 59 toros Brangus sólo se pudo asignar a 37 de ellos a un determinado grupo de porcentajes Angus/Cebú, siendo el resto en su mayoría, muy probablemente de la variedad 3/8. La proporción de cebú declarada se comparó con la estimada en el análisis. Este análisis demostró una alta correlación entre ambos valores ( $R^2=0,886$ ). La clase en mayor proporción y con la mayor dispersión en las proporciones raciales estimadas corresponde al Brangus 3/8 (37,5% Cebú, 62,5% Angus). El análisis de estructura poblacional demostró ser de utilidad para resolver la constitución genética de reproductores de una raza compuesta. Independientemente del resultado anterior, este trabajo resalta la utilidad de la base de datos del Laboratorio de SRA, para realizar análisis genómicos y genéticos, sin un costo adicional y con un importante beneficio para los criadores.





**Figura 1:** Estructura genética determinada por microsatélites.

**Palabras clave:** bovinos para carne, microsatélites, Brangus, estructura poblacional.

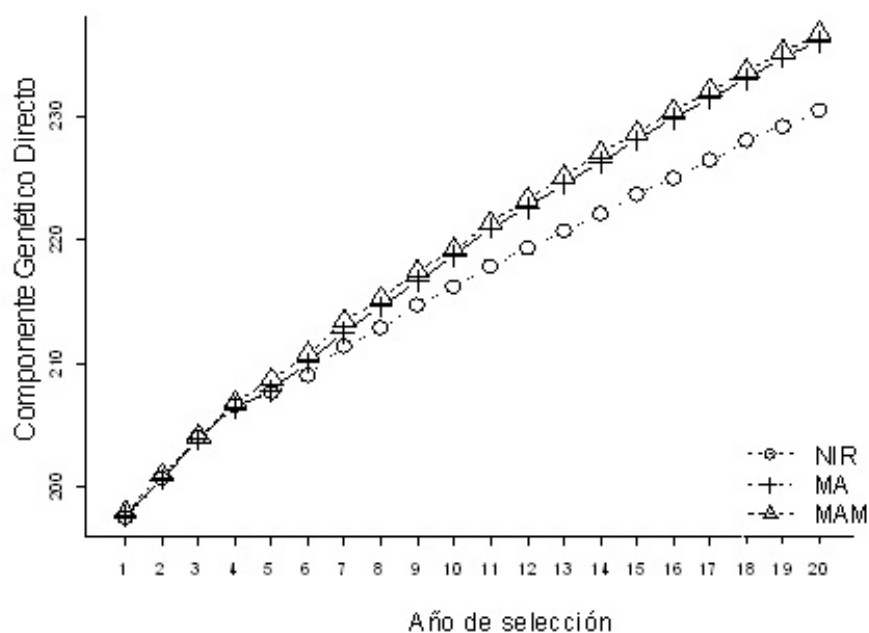
**Key words:** beef cattle, microsatellites, Brangus, population structure.

**GM 7** Comparación de estrategias de selección asistida por marcadores moleculares en bovinos para carne mediante simulación. **Macor, L., Corva, P.M. y Monterubbianesi, M.G**, Fac.Cs.Agr., UNMdP. laura.macor@gmail.com

*Comparison of molecular marker assisted selection strategies through simulation in beef cattle.*

La selección asistida por marcadores se presenta como una herramienta de gran potencial para el mejoramiento genético, principalmente como una estrategia que complementa a la selección convencional. A lo largo de los últimos años se han evaluado diferentes métodos de aplicación y su integración con la información generada por la metodología cuantitativa (modelo animal) actualmente en uso, principalmente en bovinos para leche. Con la finalidad de evaluar el uso e interpretación por parte del criador individual de una estrategia que integre las dos fuentes de información se simuló un plantel genérico de bovinos para carne, con 500 hembras y 15 machos. Se compararon tres estrategias de mejoramiento sobre PD: Selección fenotípica por niveles independientes de rechazo (NIR), selección con modelo animal multicaracter (MA) y selección por modelo animal integrando su información a la del panel de marcadores (MAM). Se evaluaron 20 años de selección y se consideraron 50 repeticiones para cada estrategia de mejoramiento simulada. Cada repetición corresponde a una población inicial diferente y se asigna aleatoriamente a cada tratamiento. Se incluyó la información de un panel de tres marcadores moleculares bialélicos, que afectan peso al destete (PD). A cada marcador se le asignó un efecto de sustitución y frecuencias alélicas. Se previó que el panel explique alrededor de un 30% de la heredabilidad, respondiendo al común de los marcadores comerciales. Respecto a las frecuencias alélicas iniciales se consideró  $p=q$  para todos los marcadores. Para crear una base de datos que responda a las características de una población representativa e implementar las diferentes estrategias de selección sobre ella, se utilizaron los programas:

AnimalSim, Geneprob y MTDFREML. Se reparametrizaron los modelos que utiliza AnimalSim para simular las poblaciones, porque originalmente fue creado para ovinos. Se generó una interfase mediante programación en R, que permite la integración de los programas, a fin de generar sucesivos ciclos de reproducción-selección-apareamiento. En este último caso se calcula un valor de cría ajustado por efecto del panel, descontando del fenotipo los efectos atribuidos a cada genotipo en particular. Se asumió que 50 animales de reposición eran analizados por año con el panel. La información genómica se hizo extensiva al resto de la población mediante análisis de segregación, para lo que se utilizó Geneprob. Se observó que se obtiene mayor respuesta mediante la selección con MA y MAM, que utilizando NIR. Se encontraron diferencias significativas ( $p < 0,05$ ) para el componente genético directo de PD y las frecuencias alélicas entre los tres tratamientos. Los coeficientes de variación para cada característica evaluada, en cada año del ciclo y para cada estrategia, estuvieron en todos los casos alrededor del 0,05%. La magnitud de la diferencia encontrada, en el último año de selección, entre MA y MAM fue de 0,650 kg. El número de marcadores y la estrategia de selección utilizados en este caso, permitieron que la selección por MAM supere a la selección por MA, pero en una magnitud de poca importancia práctica.



**Figura 1:** Variación del componente genético directo para peso al destete a través de los años de selección.

**Palabras clave:** bovinos para carne, marcadores moleculares, selección asistida por marcadores.

**Key words:** beef cattle, molecular markers, marker assisted selection.

**GM 8** Engorde y faena de novillos puros y cruza entre Angus, Hereford y Limousin. **Melucci, L.M., Villarreal, E.L., Mezzadra, C.A. y Papaleo Mazzucco, J.** Unidad Integrada: INTA EEA, Balcarce-Fac.Cs.Agr., UNMdP. [lmelucci@balcarce.inta.gov.ar](mailto:lmelucci@balcarce.inta.gov.ar)

*Fattening and slaughter of purebred and crossbred Angus, Hereford and Limousin steers*

Evidencia experimental demuestra la conveniencia del uso de líneas maternas de tamaño corporal moderado y su combinación con líneas paternas de mayor potencial de crecimiento bajo diseños de cruzamientos específicos. Se evaluaron componentes del engorde y faena de novillos puros y cruza entre las razas Angus, Hereford y Limousin. Se utilizaron 540 novillos nacidos entre los años 2000 y 2006 en la EEA INTA Balcarce. Hasta 2005 los novillos fueron engordados bajo dos regímenes nutricionales (N) R7: pastoreo directo de pasturas cultivadas más suplementación invernal con silaje de maíz y R8: solo pastoreo directo de pasturas cultivadas. Las especies predominantes de las pasturas fueron: *Lolium multiflorum*, *Dactylis glomerata*, *Bromus catarthicus*, *Trifolium repens* y *Trifolium pratense*. Los novillos nacidos en 2006 fueron terminados en encierro a corral y con grano de maíz. Cada año los novillos fueron faenados en un frigorífico comercial cuando el promedio del grupo racial (GR) alcanzó los 6-8 mm de espesor de grasa dorsal (EGD, mm). Los GR fueron A (Angus, n:95), H (Hereford, n:60), 3A1H (padre A, madres HA y AH, n:69), 3H1A (padre H, madres HA y AH, n:73), AH (n:41), HA (n:62) y 2L1A1H (padres L, madres HA y AH, n:130). Se utilizaron entre 5 y 21 padres por GR. Los caracteres fueron: PD180 (kg): peso al destete ajustado a 180 días de edad; GDP (kg/d): ganancia diaria de peso durante el engorde; PPF (kg): peso pre-faena, obtenido en el campo sin desbaste y previo al envío a frigorífico; EGDpf (mm) y AOBpf (cm<sup>2</sup>): EGD y área del ojo de bife (músculo *longissimus dorsi*) por ecografía previo al embarque. A la faena se registró LP (cm): largo de la pierna, desde la sínfisis pubiana al extremo del garrón; LR (cm): largo de res, desde la sínfisis pubiana a la primera costilla; GR: grasa de riñonada (gr) y R (%): rendimiento, calculado como el peso de la res caliente respecto al PPF. Se utilizaron modelos lineales mixtos que incluyeron los efectos fijos de GR, año de nacimiento (AN), N dentro de AN y la interacción GRxAN y el efecto aleatorio de padre dentro de GR. A excepción de LP, el resto de los caracteres fue afectado ( $p < 0,05$ ) por N pero el comportamiento difirió entre años. En PD180, GRxA fue estadísticamente significativa ( $p < 0,05$ ). En casi todos los AN, los GR no se diferenciaron entre sí, salvo en 2003 donde 2L1A1H ( $173,91 \pm 4,57$  kg) fue 32 y 30 kg más pesado que HA y A, respectivamente y en 2005 donde 2L1A1H ( $185,65 \pm 4,32$  kg) fue 33 y 31 kg superior a H y A, respectivamente. En GDP, 2L1A1H ( $0,614 \pm 0,014$  kg/d) ganó 0,072 kg/d más que A ( $p < 0,05$ ), pero no difirió del resto. Los PPF variaron entre AN y GR. En 2000, 2003 y 2005, 2L1A1H fue 18, 21 y 11% más pesado respecto a A, el cual pesó  $345,96 \pm 8,62$ ;  $319,98 \pm 8,42$  y  $332,00 \pm 8,65$  kg, respectivamente. No se observaron diferencias entre GR en el EGDpf excepto en los años 2003 donde 3A1H ( $6,47 \pm 0,37$  mm) logró 2,01 mm más que H y en 2004 donde 3A1H ( $7,64 \pm 0,33$  mm) tuvo 2,81 mm más que H y 2,94 mm más que 2L1A1H. El AOBpf fue similar entre años y GR, 2L1A1H ( $53,14 \pm 0,82$  cm<sup>2</sup>) tuvo entre 6 y 12 cm<sup>2</sup> más AOBpf que el resto ( $p < 0,05$ ). LP y LR mostraron interacción GRxAN ( $p < 0,05$ ), en líneas generales las reses de 2L1A1H tendieron a ser más largas que las de A. La GR tendió a ser similar entre GR y AN, sin embargo en 2000, los 2L1A1H lograron 46% más GR que los A y en 2006, cuando fueron terminados con grano de maíz 2L1A1H y HA tuvieron en promedio 86% más GR que el promedio de A y H ( $p < 0,05$ ). El R fue variable entre GR dentro de años. El mayor R correspondió a 2L1A1H con valores de 52 a 55 dependiendo de los años. Para GR y condiciones de engorde similares a las presentes, la elección del sistema de apareamiento

dependerá de la estrategia alimenticia sobre la que se desarrollará la invernada, bajo condiciones nutricionales buenas los animales cruce de 3 razas podrían lograr importantes incrementos productivos respecto a las razas puras.

**Palabras clave:** cruzamientos, bovinos para carne, engorde, faena.

**Key words:** crossbreeding, beef cattle, fattening, slaughter.

**GM 9** Atributos de la carne de novillos puros y cruce entre Angus, Hereford y Limousin.

**Papaleo Mazzucco, J., Melucci, L.M., Villarreal, E.L. y Mezzadra, C.A.** Unidad Integrada: INTA EEA, Balcarce-Fac.Cs.Agr., UNMdP. [jpapaleo@balcarce.inta.gov.ar](mailto:jpapaleo@balcarce.inta.gov.ar)

*Meat quality of purebred and crossbred Angus, Hereford and Limousin steers*

Los cruzamientos entre razas británicas y la combinación de estas madres cruza con razas paternas de mayor velocidad de crecimiento producen un tipo de novillo capaz de lograr un adecuado grado de engrasamiento y terminación en sistemas pastoriles. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la calidad de la carne de novillos de diferentes cruzamientos entre las razas Angus (A), Hereford (H) y Limousin (L) bajo condiciones de pastoreo. Se utilizaron 540 observaciones provenientes de novillos A, H, AH, HA, 3A1H, 3H1A y 2L1A1H, nacidos entre los años 2000 y 2006. La invernada de los animales se llevó a cabo en dos sistemas alimenticios diferentes (Reservas 7 y 8; INTA EEA Balcarce). El número total de padres fue de 21 A, 22 H y 5 L. Cada año, el engorde se realizó hasta que el promedio del lote alcanzara como mínimo 6 mm de espesor de grasa dorsal medida ecográficamente o que no superara los 12 meses desde el inicio del mismo. A las 24 hs *post-mortem*, de cada media res izquierda se extrajo la porción de bifes comprendida entre la 11° y 13° costilla, la cual fue envasada y congelada a -18 °C para su posterior procesamiento en laboratorio. De cada muestra previamente descongelada se extrajeron fetas de 2,5 cm de espesor del músculo *Longissimus dorsi*, sobre las que se determinó: pH, color (escala CIEL\*a\*b\*) y contenido de extracto etéreo (EE, %) de la carne cruda y resistencia al corte (RC, kg; cizalla de Warner-Bratzler montada sobre un Instrom) en carne cocida. La cocción se realizó en un baño de agua termostatzado durante 50 minutos, lo que aseguró una temperatura interna de 70 °C. La RC se obtuvo promediando los resultados de la cizalla de cuatro cilindros de 2,5 cm x 2,5 cm tomados al azar. Las pérdidas por cocción (PPC, %) se obtuvieron mediante la diferencia de peso de la muestra de carne antes y después de la cocción. Las variables se analizaron mediante Modelos Mixtos que incluyeron los efectos fijos de grupo racial, fecha de faena anidada dentro de año de nacimiento y sitio de invernada y el efecto aleatorio del padre del novillo anidado dentro de grupo racial. En todos los casos se utilizó la edad a la faena como covariable. Para el análisis de la información se utilizó el paquete estadístico SAS (V8). Para todas las variables de calidad analizadas, la fecha de faena tuvo efectos significativos ( $p < 0,05$ ) y sólo se detectó efecto significativo de grupo racial ( $p < 0,05$ ) para el contenido de EE de la carne (Cuadro 1), siendo menor para las cruza 2L1A1H que no difirieron del H. Los resultados obtenidos permiten concluir que en estos apareamientos el grupo racial no modifica la calidad de la carne, sin embargo esta última se ve afectada por los otros factores ambientales.

**Cuadro 1:** Estimaciones por mínimos cuadrados generalizados y sus errores estándar para cada grupo racial.

Grupo Genético <sup>1</sup>	N	pH	L*	a*	b*	PPC (%)	RC (kg)	EE (%)
A	98	5,60±0,02	36,50±0,33	20,19±0,29	10,05±0,21	24,06±0,42	8,91±0,33	2,89±0,12ab
H	62	5,56±0,03	36,76±0,36	20,24±0,33	10,17±0,23	25,28±0,47	9,94±0,37	2,22±0,13cd
3A1H	72	5,58±0,03	35,86±0,37	20,39±0,34	9,99±0,24	24,13±0,48	9,36±0,37	3,09±0,14a
3H1A	73	5,56±0,02	36,82±0,34	20,65±0,31	10,34±0,22	25,43±0,44	9,48±0,34	2,43±0,12bc
AH	41	5,60±0,03	36,06±0,44	20,73±0,40	10,30±0,28	25,08±0,57	8,94±0,45	2,80±0,16abc
HA	64	5,58±0,03	35,55±0,39	20,48±0,35	9,94±0,25	24,39±0,50	9,42±0,39	2,84±0,14ab
2L1A1H	130	5,63±0,02	36,44±0,35	19,97±0,27	10,06±0,19	24,22±0,48	8,79±0,39	1,91±0,11d

<sup>1</sup> A: Angus; H: Hereford; 3A1H: padre A con madres AH y HA; 3H1A: padre H con madres AH y HA; AH: padre A y madre H; HA: padre H y madre A; 2L1A1H: padre Limousin con madres AH y HA. a,b,c,d: letras diferentes indican diferencias significativas (p<0,05)

**Palabras clave:** calidad de la carne, bovinos para carne, cruzamientos.

**Key words:** meat quality, beef cattle, crossbreeding.

**GM 10** Tendencias genéticas en un rodeo lechero en Tandil. **Rubio, N.E., Andere, C.I., Juliarena, M. y Casanova, D.** Fac.Cs.Vet., UNCPBA, Tandil. candere@vet.unicen.edu.ar

#### *Genetic trends in a dairy herd in Tandil*

Los objetivos del trabajo fueron describir la evolución del mejoramiento genético de un tambo ubicado en el partido de Tandil, y la relación entre las categorías de sus vacas y los correspondientes valores de habilidad de transmisión predichos (HTP) para kg de leche, kg de grasa, kg de proteína, porcentaje de grasa y porcentaje de proteína. El Registro de Crías, organizado por la Asociación Criadores de Holando Argentino, es un sistema de identificación individual que otorga a los animales de la raza una numeración única y que los categoriza según sus antecedentes genealógicos y productivos (PB: cría sin antecedentes; CL1, CL2, CL3 y CLD: crías con 1, 2, 3 y 4 generaciones de antecedentes genealógicos y productivos, respectivamente). Para la elaboración del trabajo se utilizó información de valores de HTP de un rodeo lechero de 2036 vacas Holando Argentino, controladas por la Entidad Oficial número 11 de Tandil. Se evaluaron las características kg de leche, kg de grasa, kg de proteína, porcentaje de grasa y porcentaje de proteína de animales inscriptos desde 1985 a 2005. Para la descripción de los datos se utilizaron modelos de Regresión Lineal Simple. Los resultados muestran un incremento genético promedio (desde 1985 al 2005) para kg de leche de 21,7 kg, para grasa de 0,6 kg y para porcentaje de grasa de -0,002%. La tendencia genética para kg de proteína y porcentaje de proteína (desde 1992 a 2005) fue 0,7 kg y 0,001%, respectivamente. Al observar las tendencias de los valores de HTP de las variables de estudio según las categorías de las vacas (PB, CL1, CL2, CL3 y CLD) puede indicarse que éstas fueron de 91,98 kg para kg de leche, 2,79 kg para kg de grasa y 1,67 kg para kg de proteína, siendo levemente negativas para los porcentajes de grasa (-0,006 %) y proteína (-0,002 %) (Cuadros 1 y 2). Puede concluirse que los animales estudiados presentan un incremento, a través del tiempo, del valor

genético para producción kg de leche, kg de grasa, kg de proteína y porcentaje de proteína, siendo el valor para porcentaje de grasa levemente negativo. Estos valores indican un énfasis en la selección hacia mayores volúmenes de producción con restricciones dirigidas a incrementar el porcentaje de proteína, situación acorde a los objetivos generales de los reproductores argentinos. Por otro lado, vacas con un número mayor de generaciones con ancestros identificados presentan valores genéticos para kg de leche, grasa y proteína superiores a los que presentan las vacas con menos generaciones de genealogía identificada o sin genealogía identificada. Este resultado muestra la importancia del Registro de Crías con referencia al mejoramiento de la raza Holando Argentino.

**Cuadro 1:** Valores genéticos promedios, mínimos y máximos para kg de leche y kg y porcentaje de grasa de las distintas categorías evaluadas.

	Valores Genéticos para Caracteres de Producción									
	N	kg. de Leche			kg. de Grasa			% de Grasa		
		Prom.	Mín.	Máx.	Prom.	Mín.	Máx.	Prom.	Mín.	Máx.
PB	493	-264	-577,7	276,7	-8,6	-20	10	-0,02	-0,11	0,09
CL1	489	-94,8	-579,9	380,8	-3,2	-19,3	16,8	-0,02	-0,13	0,12
CL2	468	12,5	-426,1	416,6	0,2	-14,6	13,5	-0,03	-0,13	0,11
CL3	350	81,6	-338,1	407,7	2,1	-13,7	13,9	-0,04	-0,16	0,10
CLD	217	107,7	-449,1	432,9	2,7	-14	15,1	-0,04	-0,15	0,07
Tendencia		91,98	.....	.....	2,79	.....	.....	-0,006	.....	.....

PB, CL1, CL2, CL3 y CLD: categorías Registro de Crías orden creciente. N: número de animales. Prom.: promedio. Mín.: mínimo. Máx.: máximo.

**Cuadro 2:** Valores genéticos promedios, mínimos y máximos para kg y porcentaje de proteína de las distintas categorías evaluadas.

	Valores Genéticos para Caracteres de Producción						
	N	kg. Proteína			% de Proteína		
		Prom.	Mín.	Máx.	Prom.	Mín.	Máx.
PB	224	-4,1	-12,7	11,3	0,0004	-0,08	0,08
CL1	319	-1,7	-16,5	13,8	-0,01	-0,10	0,07
CL2	344	0,3	-11,8	11,4	-0,01	-0,09	0,09
CL3	287	1,6	-10,8	15,5	-0,01	-0,08	0,10
CLD	201	2,6	-10,5	12	-0,01	-0,09	0,10
Tendencia		1,67	.....	.....	-0,002	.....	.....

PB, CL1, CL2, CL3 y CLD: categorías Registro de Crías orden creciente. N: número de animales. Prom.: promedio. Mín.: mínimo. Máx.: máximo.

**Palabras clave:** habilidad de transmisión predicha, mejoramiento animal, Holando Argentino.  
**Key words:** predicted transmitting ability, animal improvement, Holando Argentino.

**GM 11** Relación de un SNP en el gen del Insulin Growth Factor I con el peso vivo en pollos Camperos-INTA. **Feld, A., Arceo, M.E., Leone, M., Huguet, M.J., Canet, Z., Fain Binda, V. y Iglesias, G.M.** Área Genética, Fac.Cs.Vet., UBA, Buenos Aires. INTA EEA, Pergamino. alejandra.feld@yahoo.com.ar

*A SNP in Insulin growth factor I gene and its relation with weight in Camperos-INTA broiler chickens*

El Insulin Growth Factor I (IGF-I) es una hormona peptídica expresada en varios tejidos. El gen que codifica para los 70 aminoácidos del IGF-I en pollos se ubica en el brazo corto del cromosoma 1, en una región cercana al centrómero. Numerosos estudios han demostrado que el IGF-I circulante afecta la tasa de crecimiento, la composición corporal y el metabolismo de los lípidos en aves de corral. Por otro lado, variaciones de un solo nucleótido (Polimorfismo de Nucleótido Simple – SNP) en la secuencia del gen pueden ser detectadas mediante pruebas de restricción con endonucleasas luego de su amplificación por PCR (PCR/RFLP). Otros autores han encontrado asociaciones entre un SNP del IGF-I y el peso corporal en una población cruce entre pollos parrilleros y aves de postura. En este trabajo se intentó determinar esta asociación en una muestra de pollos de la línea paterna INTA. Se estableció la relación entre el SNP y el peso corporal, calculándose las frecuencias génicas y genotípicas de los alelos favorable y desfavorable (A y C, respectivamente) asociados a dicho carácter. Se utilizaron 165 animales de la línea paterna que da origen al *Pollo Campero* INTA Pergamino. Los animales fueron criados, identificados y pesados en la EEA INTA Pergamino, bajo un diseño del experimento del tipo DCA (diseño completamente aleatorizado). Se obtuvieron muestras de sangre de cada individuo y se las genotipificó para las variantes del SNP por PCR/RFLP. El alelo favorable es el A. Para el análisis estadístico se utilizó el software INFOSTAT para un modelo de efectos fijos  $Y_{ijk} = \text{genotipo}_i + \text{sexo}_j + e_{ijk}$ . De los 165 individuos analizados en este trabajo se obtuvieron: 114 animales AA; 44 AC; y 7 CC.

**Cuadro 1:** Medias de peso final corregido y sus desvíos para los tres genotipos.

Genotipo	N	Media (g)	D.E.
AA	114	2648	528,6
AC	44	2813	527,5
CC	7	2564	652,8

En los análisis estadísticos sobre las 165 muestras de la línea paterna *Campero-INTA*, no se observaron diferencias significativas ( $p > 0,05$ ) entre el peso final corporal corregido y los tres genotipos hallados. Se propone en un futuro aumentar el número muestral. Probablemente la diferencia entre este estudio y los estudios previos en Fayoumi y Leghorn, puede deberse al background genético de cada línea. Es poco probable que se pueda concluir con certeza que éste u otros polimorfismos afecten la actividad del IGF-1. En este caso se descarta el efecto del ligamiento debido a que este análisis estuvo focalizado en un gen candidato y no en un QTL.

**Palabras clave:** SNP, IGF-I, Pollos Camperos.

**Key words:** SNP, IGF-I, Camperos Broiler chickens.

**GM 12** Parámetros de crecimiento en cabritos criollos del oeste pampeano. **Meder, A.R., Meglia, G.E., Kotani, I.D., Ferrán, A.M. y Maizon, D.O.** Fac.Cs.Vet., UNLPam. INTA EEA, Anguil "Ing.Agr. Guillermo Covas", INTA, La Pampa. albertomededer@yahoo.com.ar

*Growth parameters in creole goat kids of western La Pampa*

El cabrito mamón o lechal es el principal producto comercial de las explotaciones pecuarias del oeste de la provincia de La Pampa. La crianza, caracterizada por particularidades culturales propias de la zona, se realiza de forma extensiva sobre pastizales naturales de arbustos bajos. En el marco del proyecto "Planificación y evaluación hacia el mejoramiento genético del rodeo caprino criollo del oeste Pampeano", se realizó el presente trabajo con el objetivo de evaluar la curva de crecimiento de cabritos lechales y los componentes genéticos y ambientales que la caracterizan. Para tal fin, desde 2007 se registraron, en tres establecimientos del oeste Pampeano, los apareamientos (padre y madre) y los nacimientos a fin de establecer la genealogía de los animales nacidos. A estos últimos se les realizó un seguimiento con pesadas, realizadas con balanza romana, cada 14 días desde el día de nacimiento. A su vez, en el tercer año se rotaron machos para conectar los tres establecimientos, que están en distintos ambientes representativos del oeste Pampeano. De esta manera se obtuvo un total de 403 individuos, con genealogía y pesadas regulares, que totalizaron 2067 registros (el 92% de los individuos tuvo 4 registros o más), provenientes de 19 padres (promedio 20 hijos por padre, mínimo 7 y máximo 66 hijos) y 204 madres (20% de las cuales tuvo al menos dos partos). El modelo mixto empleado en el análisis tuvo como efectos fijos sexo (macho y hembra), tipo de parto (simple o múltiple), número de parto de la madre (1ro, 2do, 3ro y 4to ó superior) y un polinomio de Legendre de grado 3 (peso en función de la edad en días). Los componentes aleatorios del modelo fueron el efecto animal (se empleó un archivo de genealogía con 550 individuos, 403 con registros fenotípicos y 147 ancestros que conectaban dos ó más individuos) y el efecto de ható-año-mes-quincena de pesada (69 grupos). Se consideró heterogeneidad de varianza residual, y se definieron tres períodos (1-10d; 11-60d; y 61-70d). Se empleó el programa WOMBAT para realizar las estimaciones. La curva de crecimiento, que resultó levemente sigmoidea pero con buen ajuste lineal ( $R^2$  0,996), indicó un peso promedio al nacimiento de 2,13 kg y un crecimiento promedio de 0,113 g/d para el grupo control (parto simple de cabra primípara). A su vez, se constató una diferencia de 0,48 kg a favor del sexo macho y 1,46 kg a favor nacimiento simple. Las cabras de tercer parto producen mamones medio kilo más pesados que los producidos por las primíparas. Las estimaciones de heredabilidad, que se observan en el Cuadro 1, resultaron similares a las estimadas en otras poblaciones y muestran una importante variación genética aditiva sobre la cual se podría ejercer selección. El cociente entre las varianzas del efecto de ható-año-mes-quincena y la fenotípica, indicó la importante variabilidad que existe entre ambientes y entre años. Si bien los errores estándares parecen adecuados, se debe prevenir que los mismos son resultado de una aproximación y que en función de la base de datos empleada los mismos deberían ser mayores. Como conclusión, se puede indicar que la variabilidad genética relativa parece ser alta en el grupo estudiado y para las condiciones ambientales del oeste Pampeano.



**Cuadro 1.** Estimaciones de heredabilidad ( $\sigma_a^2 / \sigma_p^2$ ) y del cociente entre varianza debida a hatos-año-mes-quincena ( $\sigma_{HAMQ}^2$ ) y varianza fenotípica ( $\sigma_p^2$ ) para los períodos considerados y sus respectivos errores estándares (EE).

Días	$(\sigma_a^2 / \sigma_p^2)_i$	EE	$(\sigma_{HAMQ}^2 / \sigma_p^2)_i$	EE
1 al 10	0,278	0,032	0,464	0,052
11 al 60	0,317	0,039	0,529	0,052
61 al 70	0,214	0,023	0,357	0,049

**Palabras clave:** Cabra criolla del oeste Pampeano, crecimiento, parámetros genéticos.

**Key words:** Creole goat of western La Pampa, growth, genetic parameters.

**GM 13** Variabilidad genética de un núcleo de selección en formación en ovinos Dohne Merino. **Vozzi, P.A., Gonzalez, M., Buffoni, A. y La Torraca, A.** INTA EEA, Chubut. avozzi@chubut.inta.gov.ar

*Genetic variability of a selection nucleus Dohne Merino sheep in formation*

La variabilidad genética es un factor determinante en el desarrollo de un programa de mejoramiento genético. Tiene estrecha relación con la respuesta a la selección de características de importancia económica, con la adaptación del animal y, principalmente, con la eficiencia reproductiva de las majadas. La raza Dohne Merino, considerada de doble propósito (producción de lana fina y carne) fue importada por INTA Chubut en 2005 y, desde entonces, es motivo de interés creciente tanto para la formación de nuevas cabañas Dohne Merino (cabañas puras de pedigree) como para la utilización de carneros puros a utilizar en esquemas de cruzamientos. El plantel base fue formado por la importación de embriones desde Australia y fue multiplicado por medio de transferencia embrionaria e inseminación artificial, de modo de aumentar el censo efectivo y estabilizar el número de vientres activos. Los indicadores de la variabilidad genética como el coeficiente de endogamia o consanguinidad (F), el tamaño efectivo de la población ( $N_e$ ) y, los más recientemente descriptos número efectivo de fundadores ( $N_f$ ), de ancestros ( $N_a$ ) y de genomas remanentes ( $N_g$ ), basados en la probabilidad de origen de los genes son utilizados para monitorear la variabilidad genética. En el presente estudio se estimaron, mediante el empleo del programa PEDIG, los parámetros  $N_f$ ,  $N_a$  y  $N_g$  y se calculó la contribución marginal de los diferentes reproductores en el plantel Dohne Merino puro de pedigree del Campo Experimental de Río Mayo (INTA EEA Chubut) con el objetivo de determinar el estado de la variabilidad genética del plantel activo y, al mismo tiempo, conocer la estructura genética de la majada. Los parámetros estimados fueron 16,7; 10,3 y 7,9 para el  $N_f$ ,  $N_a$  y  $N_g$ , respectivamente. La contribución marginal del ancestro con mayor impacto fue del 23,5% de los genes en la población. Dicho valor para los cinco ancestros de mayor impacto fue del 72% de los genes en el plantel, indicando que un reducido grupo de animales es responsable de la variabilidad genética en el rebaño. La información obtenida sugiere la

necesidad de realizar nuevas importaciones de material genético minimizando el parentesco con el plantel actual y el establecimiento de sistemas de apareamiento dirigidos a evitar pérdidas de la variabilidad genética en el plantel.

**Palabras clave:** Dohne Merino, mejoramiento genético, ovinos, variabilidad genética.

**Key words:** Dohne Merino, sheep, genetic variability.

**GM 14** Estructura de datos y modelos estadísticos para la implementación de una evaluación genética en caprinos de Angora. **Giovannini, N., Debenedetti, S., Vozzi, P.A. y Mueller, J.P.** INTA EEA, Bariloche. INTA EEA, Chubut. [ngiovannini@bariloche.inta.gov.ar](mailto:ngiovannini@bariloche.inta.gov.ar)

*Data structure and statistical models for the implementation of a genetic evaluation in Angora goats*

La EEA Bariloche de INTA, en su Campo Experimental de Pilcaniyeu, posee un hato de caprinos de Angora productores de Mohair. Este núcleo es históricamente un proveedor importante de castrones en el noroeste de la Patagonia. Sin embargo, la raza en Argentina todavía no posee un sistema de evaluación genética formal que utilice procedimientos BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) para estimar el valor de cría de las características de interés económico. Para implementar este servicio son necesarios análisis preliminares sobre la población y el sistema de producción. Este trabajo se centró en parte de estos estudios. Para ello, se tomó el bloque de información correspondiente al período 2000-2009 y se plantearon 3 objetivos: caracterizar la estructura del pedigree; caracterizar la estructura de datos productivos a través de estadísticos descriptivos básicos; y cuantificar la magnitud de los efectos fijos, para su inclusión a posteriori en los modelos de análisis genéticos. Para ello se realizaron análisis de varianzas utilizando sumas de cuadrados tipo I, incluyendo primero el factor que generó el mayor  $R^2$ , luego el efecto de mayor significancia y aumento del  $R^2$  dado que el primer efecto se encontraba en el modelo y así sucesivamente hasta que ningún otro efecto fue significativo. Del estudio de la genealogía resultaron 1207 animales registrados (52 padres, 413 madres y 742 crías). La familia paterna y materna de mayor tamaño fue de 79 y 8 animales, respectivamente. Las características analizadas posteriormente fueron: peso corporal al nacimiento (PCN), al destete (PCD), ajustado a los 100 días (PC100), a la esquila (PCE) y a la selección (PCS), peso de vellón sucio (PVS), promedio de diámetro de fibras (PDF), coeficiente de variación de PDF (CV), largo de mecha (LM), factor de confort (FC), contenido de KEMP (KEMP) y fibras meduladas totales (FMT). Los efectos fijos analizados fueron: tipo de nacimiento (TP), edad de la madre al parto (EDM) y grupo contemporáneo Sexo\*Año (GC). La covariable edad (ED) sólo fue probada para PCD. En el cuadro 1 se presentan los resultados.

**Cuadro 1:** Estructura de datos y modelos de análisis.

	Estadísticos descriptivos					Efectos Fijos <sup>1</sup>				
	n	Media	Min	Max	DS	R <sup>2</sup> %	TP p valor	EDM p valor	GC p valor	ED p valor
PCN (kg)	902	2,61	1,00	4,20	0,47	30	<0,001		<0,001	
PCD (kg)	269	18,21	6,90	32,10	4,26	46	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001
PC100 (kg)	268	16,32	6,03	32,39	3,73	44	<0,001	<0,001	<0,001	
PCE (kg)	232	18,16	9,10	27,40	4,21	65	<0,001		<0,001	
PCS (kg)	85	32,02	19,90	48,90	7,30	76		0,007	<0,001	
PVS (kg)	667	1,26	0,20	2,60	0,33	37	<0,001	<0,001	<0,001	
PDF (mic)	674	23,76	18,80	30,70	2,00	21			<0,001	
CV (%)	674	25,90	16,90	48,70	3,35	14		0,007	<0,001	
LM (mm)	671	166,59	75,00	260,00	33,78	35			<0,001	
FC (%)	674	86,16	53,80	99,40	9,18	34			<0,001	
KEMP (%)	673	0,17	0,00	2,67	0,36	16			<0,001	
FMT (%)	673	0,69	0,00	7,00	0,82	16			<0,001	

<sup>1</sup>Sólo p valores <0,05

Las características con menor n se debieron a que el registro comenzó más tarde. El resto de los descriptivos se presentaron dentro de los estándares normales de producción. Para PDF, CV, KEMP y FMT el R<sup>2</sup> fue relativamente bajo. Posteriores estudios sobre otras fuentes de variación y/o modelos más complejos son necesarios. Para el resto de las características, el ajuste fue bueno a muy bueno, como en el caso de PCS. En cuanto a los efectos fijos, el GC, incluido como forma de considerar el manejo diferencial de machos y hembras, resultó significativo para todas las características. EDM afectó a PCD, PC100, PCS, PVS y CV, lo que sugiere una influencia materna importante en estas características, incluso a la edad de 18 meses como en PCS. Del mismo modo, TP resultó significativo para los pesos corporales (salvo PCS), y para PVS. Con estos resultados quedarían prácticamente definidos los modelos a utilizar en la evaluación genética de caprinos de Angora. Con el incremento de la información los modelos podrán mejorarse. En conjunto con trabajos publicados del mismo hato sobre estudios económicos y estimación de parámetros genéticos y fenotípicos, se estaría en condiciones de formalizar la evaluación genética de caprinos de Angora mediante procedimientos BLUP.

**Palabras clave:** Mohair, mejoramiento genético, BLUP.

**Key words:** Mohair, genetic improvement, BLUP.

**GM 15** Plan de mejoramiento genético ovino en Río Negro, Argentina. **Bidinost, F., Alvarez, M., Saldivia, R. y Cancino, A.K.** INTA EEA, Bariloche. INTA EEA, Valle Inferior. Ley Ovina UEP-Río Negro. fbidinost@bariloche.inta.gov.ar

*Sheep breeding plan in Rio Negro, Argentina*

Este Plan tiene la finalidad de mejorar, de manera sustentable con el uso de los recursos naturales, los productos ovinos obtenidos en la provincia en cuanto a calidad y cantidad. El Plan se lleva a cabo desde el año 2007 con aportes de Ley Ovina UEP-Río Negro y el INTA. La propuesta contempla una estrategia de trabajo específica para cada estrato de productores de la provincia, clasificados en: Cabañas, Multiplicadores y Majadas Generales. Las acciones se centran en la provisión de material de animales mejoradores evaluados genéticamente (semen congelado, semen refrigerado, o carneros para servicio dirigido a corral), el financiamiento y gestión de compra de insumos (caravanas y hormonas) y de servicios (selección de madres, revisión de carneros, inseminación artificial, diagnóstico de preñez por ecografía, análisis de muestras de lana, alquiler de reproductores y planificación integral de campos) y la capacitación a profesionales, productores, jóvenes referentes de organizaciones y peones rurales. Con el fin de facilitar el vínculo entre productores de los distintos estratos, se realizó en el 2009 una Exposición Ganadera de la Región Sur. El éxito de esa primera edición determinó su reiteración en 2010, quedando así instalada como evento de ámbito regional y provincial con frecuencia anual. El programa fue validado por la Asociación Argentina de Criadores de Merino (AACM). Esto motivó la incorporación de los multiplicadores del Plan al programa Merino Puro Registrado (MPR) de la AACM, que incluye la evaluación genética de machos mediante un índice de selección (PROVINO básico). Durante los primeros años de funcionamiento del Plan se realizaron capacitaciones a productores y profesionales, se elaboraron y ejecutaron planes de mejoramiento genético con varios grupos de productores, se elaboraron y ejecutaron los planes de mejora prediales de los multiplicadores y se consolidó una exposición ganadera regional. Este evento permitió vincular a productores de diferentes estratos facilitando la incorporación de material genético mejorador a las majadas de la región. El Cuadro 1 muestra la evolución del número de multiplicadores que utilizan el programa MPR de la AACM, la cantidad de majadas comerciales clasificadas, bajo programa. En estos años 61 Majadas Generales clasificaron sus ovejas descartando los principales defectos raciales (presencia de chilla y pigmentación en Merino). A su vez, la disponibilidad de una batería de 9 carneros Merino Puro Registrado y Pedigree, para emplear de manera rotativa entre organizaciones de pequeños productores, permitió la difusión de la inseminación artificial, antes fuera de su alcance, como herramienta para incrementar el uso e impacto de los carneros superiores. Para desarrollar estas actividades se articuló con técnicos de la actividad pública y privada (12 participantes) y jóvenes referentes de organizaciones (13 participantes). El crecimiento que se percibe en estas actividades determinará, en el mediano plazo, un cambio positivo en las lanas de la provincia. Metas a futuro: Conectar este Plan con estrategias provinciales de venta de carne para facilitar la salida de animales genéticamente inferiores (de refugio), categorías poco productivas y corderos. Lograr mayor vínculo entre multiplicadores y majadas comerciales. Incrementar el impacto del Plan, llegando a nuevos parajes y masificando las acciones donde ya se está trabajando. Facilitar la emergencia de pequeñas empresas locales de servicios para el sector. Avanzar hacia la diferenciación de productos ovinos y su posicionamiento en el mercado. Propiciar la comercialización de semen de reproductores evaluados genéticamente. Estimular la comercialización de hembras para reposición entre cabañas, multiplicadores y majadas. Este Plan se vincula con un proyecto Regional de INTA, tres Proyectos Nacionales de INTA, el

Programa Ganadero del Ente de la Región Sur, líneas de crédito y ANR de Ley Ovina, PROLANA, y con el Programa de Sanidad Ovina de la UEP-Río Negro y Senasa.

**Cuadro 1:** Evolución de los indicadores del programa.

Indicador	Ciclo productivo	
	2007-2008	2008-2009
Productores capacitados	100	140
Referentes de organizaciones de productores capacitados	20	30
Profesionales capacitados	15	25
Planes de mejora de organizaciones en ejecución	5	10
Productores bajo programa	26	61
Cantidad de ovejas seleccionadas	4500	11000
Multiplicadores (planteles MPR)	10	17
Ovejas MPR	1253	1989
Ovejas Inseminadas	0	2013

MPR: Merino Puro Registrado.

**Palabras clave:** pequeños productores, mejoramiento, oveja, lana, carne.

**Key words:** small holders, breeding, sheep, wool, meat.

**GM 16** Caracterización de diferentes genotipos para la producción de corderos pesados. 1. Comportamiento productivo. **Piaggio, L., Del Pino, M.L., Deschenaux, H. y Bentancur, O.** Secretariado Uruguayo de la Lana. Fac.Agron., EEMAC. lpiaggio@sul.org.uy

*Characterization of different genotypes for heavy lamb production. 1. Productive performance.*

En el Centro de Investigación y Experimentación "Dr. A. Gallinal" del Secretariado Uruguayo de la Lana, Florida, Uruguay, fue conducido un experimento de alimentación a corral con el objetivo de evaluar la aptitud de dos genotipos de corderos para la producción de "Cordero Pesado Tipo Sul" y "Cordero Superpesado". El primer producto es un animal proveniente de los genotipos de mayor difusión en el Uruguay, sin erupción de incisivos permanentes, con un peso de faena de entre 34 y 45 kg de PV originando canales de entre 16 y 20 kg, y con un estado de gordura establecido de común acuerdo con la Industria Frigorífica, en un valor de condición corporal individual  $\geq 3,5$  unidades en la escala del 1 al 5, con largo de lana entre 10 y 30 mm. El acceso a mercados más exigentes por parte de la industria determinó la necesidad de definir otro producto de carne ovina de calidad, el "Cordero Superpesado", cuyos requisitos son PV  $\geq 48$  kg, originando canales superiores a 20 kg, diente de leche, con condición corporal  $\geq 3,5$  unidades y de 10 a 30 mm de largo de lana. Los genotipos de corderos utilizados fueron la raza pura de doble propósito Corriedale y la cruce con genotipo carnívor *Corriedale x South Down 3/4 Poll Dorset 1/4*. Se utilizaron 24 corderos (12 cruce y 12 puros) de 5 meses de edad con un peso vivo promedio de  $23.7 \pm 2.13$  kg y  $3.3 \pm 0.29$  unidades de condición corporal al inicio del experimento. En cada genotipo los corderos fueron estratificados por sexo, peso vivo y condición corporal inicial en 3 grupos homogéneos de 4 corderos cada uno (2 machos y 2 hembras), siendo cada grupo asignado a un corral (4 corderos/corral). El diseño experimental

fue de parcelas al azar con dos tratamientos (genotipo cruza o puro) y tres repeticiones (tres corrales /tratamiento). El alimento fibroso utilizado fue: fardo de campo natural mejorado y fardo de alfalfa, separado del concentrado. El concentrado se suministró, 2 veces al día. El experimento fue conducido en dos fases de alimentación: 1) durante 92 días, con una dieta constituida por 40% de FDN proveniente de fibra larga, y 16% de PC, relación forraje: concentrado 55:45, integrada por 875 g de concentrado y 830 g de fardo (250 g de fardo de alfalfa y 580 g de fardo de campo natural) por cordero y por día, hasta cumplir los requisitos de "Cordero Pesado Tipo Sul" y 2) durante 90 días, con una dieta constituida 30% de FDN y 13% de PC, relación forraje : concentrado de 35:65, integrada 1080 g de concentrado y 650 g de fardo (150 g de fardo de alfalfa y 500 g de fardo de campo natural), por cordero y por día, hasta el producto "Cordero Superpesado". Se realizó el monitoreo de evolución de peso vivo cada 14 días, con ayuno nocturno previo y para la determinación de condición corporal fue utilizada escala de cinco puntos realizada al inicio del experimento, fin de la primera y segunda fase de alimentación. La esquila se realizó luego de finalizada la primera fase de alimentación. En la Fase 1, la ganancia diaria no mostró diferencias entre genotipos ( $p=0,24$ ) permitiendo cumplir con los requisitos de "Cordero Pesado Tipo Sul" en ambos genotipos (Cuadro 1). En la Fase 2, la ganancia diaria fue inferior en los Corriedale en relación a los cruza. En cuanto a la aptitud de los genotipos para la obtención de canales mayores a 20 kg, en la raza pura el 55% y en los cruza el 92% cumplieron con este requisito. La producción de lana fue mayor en los corderos cruza en relación a la raza pura.

**Cuadro 1:** Comportamiento productivo de corderos de raza doble propósito o cruza carnífera en engorde a corral en dos fases de alimentación.

	Fase 1			Fase 2	
	Gmd (g/d)	Var CC	Lana(kg)	Gmd (g/d)	Var CC
P<f	ns	ns	***	*	ns
Corriedale	164,4 ±0,01	0,71±0,07	2,19±0,11b	86,6 ±0,09b	0,01±0,10
Cruza	180,7 ±0,01	0,71±0,07	3,04±0,11a	116,4±0,09a	0,04±0,10

Gmd = ganancia media diaria; Var CC= variación de condición corporal; Lana = lana total de 8 meses; ns =  $p>0,05$ ; (a, b) Valores seguidos de diferente letra en la misma columna difieren significativamente; \* = $p<0,05$ ; \*\*\*=  $p<0,001$ .

**Palabras clave:** estabulación, corderos, comportamiento productivo.

**Key words:** feedlot, lambs, productive performance.

**GM 17** Producción y composición de leche de vacas primíparas de diferentes grupos raciales en un sistema pastoril. **Dutour, E.J., Laborde, D. y Chilbroste, P.** Fac.Agron., Univ. de la República. Est.Exp. "Dr. Mario A. Cassinoni" (EEMAC), Paysandú, Uruguay. joaquindutour@hotmail.com

*Milk production and composition in primiparous cows of different racial groups in a pastoral system*

La producción de leche en Uruguay es de base pastoril suplementada en forma estructural con concentrados y ensilajes de planta entera. La raza dominante es la Holando, con fuerte influencia de genética americana y canadiense. Se llevó a cabo un experimento con el objetivo

de evaluar la producción y composición de la leche durante toda la lactancia de cuatro grupos raciales, a saber: Holando americano (HA) y sus cruzas con Holando Neozelandés (HNZ), Sueca Roja (RBS) y Jersey (HJ). El trabajo se llevó a cabo en un predio comercial en el departamento de Flores, Uruguay. De una población de vaquillonas con similar fecha de parto (1 de mayo al 15 de julio de 2009) y edad ( $23 \pm 1$  meses), se seleccionaron al azar 24 animales de cada grupo racial. Los animales seleccionados fueron expuestos durante toda la lactancia a las mismas condiciones de alimentación y manejo. Se evaluó la producción de leche y el peso corporal con una frecuencia mensual desde el parto hasta marzo de 2010. Se determinó mensualmente la producción individual. El peso vivo de los animales al inicio del experimento fue  $447 \pm 35$ ,  $421 \pm 35$ ,  $406 \pm 32$  y  $431 \pm 34$  kg para HA, HNZ, HJ y RBS, respectivamente. El pastoreo de los animales se realizó siempre en un mismo grupo con asignaciones de forraje (kg MS/vaca/día) que oscilaron entre 20 kg en invierno, 25 kg en primavera y 17 kg en verano. Las pasturas dominantes durante invierno y primavera fueron praderas polifíticas, durante el verano, sorgo forrajero y alfalfa. La suplementación (mezcla de forraje conservado y granos) varió de 10 kgMS/vaca/día en invierno a 4 kgMS/vaca/día en primavera y verano. La información productiva se analizó con un modelo de medidas repetidas en el tiempo (Proc Mixed SAS versión 9.1). Las medias de mínimos cuadrados estimadas para los efectos fijos de grupo genético, de período (control lechero cada 30 días) y su interacción, fueron comparados por prueba de probabilidad Tukey-Kramer ( $p < 0,05$ ). La estructura de covarianza fue modelada con la opción AR1 (autocorrelación de primer orden). En el Cuadro 1 se presentan los resultados de la evaluación. La producción de leche del grupo HA fue significativamente superior a las cruzas RBS y HJ, mientras que no difirió significativamente del grupo HNA ( $p < 0,05$ ). De las cruzas, el grupo HJ evidenció el menor valor de producción de leche ( $p < 0,01$ ). Sin embargo, cuando se analizó la producción de leche según el peso metabólico, no se encontraron diferencias significativas entre los diferentes grupos raciales. El grupo racial HJ exhibió el mayor valor de producción de grasa ( $p < 0,05$ ), mientras que, la producción diaria de proteína no varió significativamente ( $p > 0,05$ ) entre los grupos. Este trabajo pone de manifiesto la oportunidad para los sistemas pastoriles de producción de leche de explorar cruzas de la raza dominante en Uruguay (HA) con la misma raza pero de diferente origen genético (HNA) y/o las cruzas con otras razas (RBS y HJ).

**Cuadro 1:** Medias de mínimos cuadrados y errores estándares para indicadores de eficiencia, producción y composición de leche diaria por vaca según biotipo lechero

	Grupos raciales <sup>1</sup>			
	HA	HNZ	HJ	RBS
kg Leche / PM <sup>2</sup>	$0,177 \pm 0,005$	$0,177 \pm 0,005$	$0,163 \pm 0,005$	$0,165 \pm 0,005$
kg Leche	$17,5 \pm 0,37$ a	$17,0 \pm 0,36$ ab	$15,1 \pm 0,35$ c	$16,0 \pm 0,36$ bc
kg Grasa	$0,61 \pm 0,015$ b	$0,650 \pm 0,013$ b	$0,70 \pm 0,013$ a	$0,611 \pm 0,013$ b
kg Proteína	$0,59 \pm 0,011$	$0,590 \pm 0,011$	$0,582 \pm 0,01$	$0,563 \pm 0,011$

Letras diferentes en la misma fila indican diferencias significativas (Tukey-Kramer,  $p < 0,05$ ). <sup>1</sup> Grupos raciales: Holstein Americano (HA), cruce HA por Holstein Neozelandés (HNZ), cruce HA con Sueca Roja (RBS), cruce HA con Jersey (HJ). <sup>2</sup> Promedio diario de kg de leche por el promedio del peso metabólico (PM) en el periodo evaluado

**Palabras clave:** producción de leche, composición de leche, grupos raciales.

**Key words:** milk production, milk solids, breeds groups.

**GM 18** Comportamiento reproductivo de vacas primíparas de diferentes grupos raciales en un sistema pastoril de producción de leche. **Dutour, E.J., Laborde, D., Meikle, A. y Chilbroste, P.** Fac.Agron. y Fac.Vet, Univ. de la República. Est. Exp. "Dr. Mario A. Cassinoni" (EEMAC), Paysandú, Uruguay. joaquindutour@hotmail.com

*Reproductive performance of primiparous cows of different breeds groups in a pastoral system of milk production*

El comportamiento reproductivo de las vacas primíparas es un problema en muchos sistemas de producción lechera. En Uruguay, la raza dominante es la Holando, con fuerte influencia de genética norteamericana y canadiense. El objetivo de este trabajo es comparar el comportamiento reproductivo de cuatro grupos raciales, a saber: Holando americano (HA) y sus cruza con Holando Neozelandés (HNZ), Sueca Roja (RBS) y Jersey (HJ). El trabajo se llevó a cabo en un predio comercial en el departamento de Flores, Uruguay. Se utilizaron vacas primíparas (24 por tratamiento) de similar edad ( $23 \pm 1$  meses) y fecha de parto (1 de mayo al 15 de julio de 2009) expuestas durante toda la lactancia a las mismas condiciones de alimentación y manejo. El inicio del período de inseminación artificial (IA) fue el 1 de septiembre y a partir de diciembre se comenzó a utilizar toros para monta a campo. El promedio de días posparto al inicio del período de inseminación fue de  $93 \pm 17$  días. La variable para la evaluación reproductiva fue la proporción de vacas preñadas y se analizó mediante un modelo lineal asumiendo distribución binomial (Proc Genmod SAS versión 9.1). En el Cuadro 1 se presenta la proporción de vacas preñadas a diferentes tiempos de haberse iniciado la IA. El grupo HJ presentó mayor proporción de vacas preñadas para 21 y 42 días de inicio del periodo de inseminación. Mientras que el grupo HNZ fue menor en estos períodos. En los 63, 84 y 105 días desde el inicio de la inseminación no se registraron diferencias significativas entre los grupos genéticos. La preñez final fue del 90% sin diferencias significativas entre grupos raciales. El comportamiento reproductivo de todos los grupos fue bueno, debido principalmente al alto porcentaje de preñez. Aunque, cabe destacar que las vacas del grupo HJ se preñaron antes: a los 42 días de iniciada la inseminación el 74% de las mismas estaban preñadas. Este último resultado tiene gran relevancia para sistemas de producción donde se busca que los partos sean concentrados.

**Cuadro 1:** Proporción de vacas preñadas a diferentes días luego del inicio de inseminación (días post-IA) según grupo racial

Días post-IA	Grupos raciales <sup>1</sup>			
	HA	HNZ	HJ	RBS
21	0,36 ab*	0,17 b*	0,62 a*	0,44 ab*
42	0,46 b**	0,41 b**	0,74 a**	0,66 ab**
63	0,64	0,53	0,78	0,70
84	0,74	0,66	0,86	0,71
105	0,74	0,66	0,86	0,71

<sup>1</sup> Grupos raciales: Holstein Americano (HA), cruza HA por Holstein Neozelandés (HNZ), cruza HA con Sueca Roja (RBS), cruza HA con Jersey (HJ). \*Letras diferentes en la misma fila indican diferencias significativas ( $p < 0,05$ ). \*\*Letras diferentes en la misma fila indican diferencias significativas ( $p < 0,10$ ).

**Palabras clave:** comportamiento reproductivo, grupos raciales.

**Key words:** reproductive performance, breeds groups.