



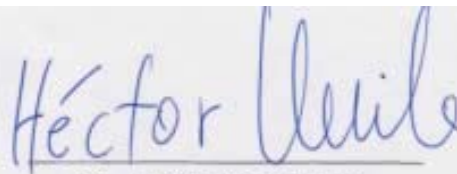
**UNIVERSIDAD AUSTRAL DE CHILE**  
**Facultad de Ciencias Veterinarias**  
**Instituto de Zootecnia**

**Estimación del coeficiente de endogamia y tendencia genética y fenotípica  
de peso al nacimiento en ovinos austral**

Tesis de Grado presentada como parte  
de los requisitos para optar al grado de  
**LICENCIADO EN MEDICINA VETERINARIA**

**María Alejandra Estrada Romero**  
**Valdivia Chile 1998**

**PROFESOR PATROCINANTE**



DR. HECTOR URIBE

**PROFESOR COPATROCINANTE**



DR. MARCELO HERVÉ

**PROFESORES CALIFICADORES**



DR. ROBERTO IHL



DR. JORGE ULLOA

FECHA DE APROBACIÓN

30 OCTUBRE 1998

## INDICE

	<b>Página</b>
<b>1. RESUMEN.....</b>	<b>1</b>
<b>2. SUMMARY.....</b>	<b>2</b>
<b>3. INTRODUCCIÓN.....</b>	<b>3</b>
<b>4. MATERIAL Y MÉTODO .....</b>	<b>17</b>
<b>5. RESULTADOS.....</b>	<b>22</b>
<b>6. DISCUSIÓN.....</b>	<b>25</b>
<b>7. BIBLIOGRAFIA.....</b>	<b>28</b>
<b>8. ANEXOS.....</b>	<b>32</b>

## 1. RESUMEN

### "ESTIMACION DEL COEFICIENTE DE ENDOGAMIA Y TENDENCIA GENETICA Y FENOTIPICA DE PESO AL NACIMIENTO EN OVINOS AUSTRAL"

Endogamia es la acumulación de homocigosis, a partir de una población base, como consecuencia de cruzamientos entre parientes. En poblaciones pequeñas es inevitable la acumulación de endogamia la cual puede deprimir características de interés en animales domésticos. Los objetivos de este trabajo fueron primero, estimar el coeficiente de endogamia y segundo, aplicar un modelo estadístico para estimar la tendencia genética de peso al nacimiento en el rebaño Austral de la Universidad Austral de Chile.

Los datos se obtuvieron de los registros de la Unidad Ovina Santa Rosa, perteneciente a la Universidad Austral de Chile. La información obtenida fue: identificación del padre, madre y de la(s) cría(s). El número de observaciones fue de 1757 nacimientos distribuidos en 8 años. Para cuantificar cambio genético de peso al nacimiento se estimaron los valores genéticos usando un modelo lineal mixto univariado. Se usaron 1223 pesos al nacimiento distribuidos en 6 años. Considerando la información aportada por la matriz de parentesco fue posible estudiar 1930 animales.

Los resultados indicaron una consanguinidad casi nula lo cual no representa la verdadera situación de este rebaño Austral. Los resultados reflejan pérdida de información y repetición de identidades, hubo 439 corderos con identidades repetidas y 499 padres (81%) con progenitores desconocidos. La variable peso, al nacimiento, en este rebaño Austral, no ha sufrido cambios genéticos ni fenotípicos desde el inicio de esta raza. Los corderos nacidos en partos únicos fueron 0,7 y 0,89 Kg más pesados comparados con corderos nacidos en partos dobles y triples respectivamente. Las hembras al nacer fueron 0,21 Kg más livianas que los machos.

Se concluye que en los datos existentes en la Unida Ovina Santa Rosa no existe suficiente información para estimar la consanguinidad. Variabilidad genética, para peso al nacimiento, existe por lo que esta característica es susceptible a ser genéticamente modificada a través de la selección si el criador así lo requiere. Pero cualquier estudio genético tendría una limitada confiabilidad al presumir un menor parentesco entre los animales.

---

<sup>1</sup> **Palabras claves:** ovinos, endogamia, Austral

## 2. SUMMARY

### "ESTIMATION OF INBREEDING COEFFICIENT, GENETIC AND PHENOTYPIC TREND FOR BIRTH WEIGHT IN AUSTRAL LAMBS"

Inbreeding is the increment of homocigosis, from the base population, as a consequence of mating genetically related animals. In small populations inbreeding accumulation always occurs, this may depress the performance of economically important traits in domestic livestock. The objectives of this work were firstly, to estimate the inbreeding coefficient, and secondly, to implement a statistical linear model to quantify the genetic trend of birth weight in the Austral herd of the Universidad Austral of Chile.

Data were from the Santa Rosa farm's sheep unit of the Universidad Austral of Chile. The information to estimate the inbreeding coefficient was: sire dam and offspring identification. There were 1757 lambing over 8 years. To quantify birth weight genetic trend over time genetic values were estimated using a single trait linear model. The data were 1223 observations on birth weight across 6 years. Including the animals which came from the relationship matrix there were 1930 animals.

The inbreeding coefficient was close to zero which does not describe the real situation of this herd. The results reflect loss of information and duplication of animals. There were 439 lambs with duplicated registration numbers and 499 parents (81 %) with unknown sire and dam. Birth weight has not changed, either genetically or phenotypically, since the creation of this breed. Single born lambs were 0,7 and 0,89 kilograms heavier than twin or triplet born, respectively. At born, female lambs were 0,21 kilograms lighter than male lambs.

It is concluded that the Santa Rosa sheep unit's data do not contain enough information to estimate inbreeding coefficient. Genetic variation for birth weight exists, therefore this trait can be genetically modified through selection if the breeder wants to do so. However, any genetic study, using these data, would provided little information because it would not properly account for the genetics relationship among the animals.

---

<sup>2</sup> **Key Words:** Sheep, inbreeding, Austral

### 3. INTRODUCCION

#### 3.1. ORIGEN DE LOS OVINOS

Los ovinos fueron, aparentemente con los caprinos, los primeros animales domesticados por el hombre en el período neolítico. Por su difusión en las más variadas condiciones ambientales que ofrecen los distintos países de los cinco continentes, los ovinos son los animales más cosmopolitas. Desde Asia Central, posible centro originario, se esparcieron gradualmente en todas las direcciones. De esta forma llegaron por etapas a todos los puntos del planeta, y alcanzando así una distribución mundial que guarda cierta correlación con las condiciones del clima, suelo y sistemas de explotación del ganadero (Helman, 1952).

Existen actualmente más de 1200 millones de ovinos en el mundo, en primer término viene Asia y luego África, en tercer lugar en cantidad se encuentra Oceanía, luego viene Sur América, siendo los últimos Norte América y Europa. Este último continente es el menos poblado y al mismo tiempo, donde los ovinos son criados en mayor cantidad por kilómetro cuadrado (FAO, 1996).

#### 3.2. PRODUCCIÓN OVINA EN CHILE

En Chile, las razas más importantes son las derivadas del Merino, de lana gruesa y media, siendo la raza **Corriedale** la que representa un 60% de los ovinos. En Chile existen pocas razas ovinas, estas son: **Criolla** descendiente de la Churra española, **Merino Australiano**, **Merino precoz Francés y Alemán**, **Suffolk y Hampshire Down**, **Romney y Corriedale**. Algo hay de **Dorset**, **Border Leicester**, **Karakul**. Una raza en formación es la **FIME** (1/4 Finesa x 1/4 Merino Precoz). Las razas lecheras que se encuentran en el país son: **Latxa** traída del país vasco español y **Milchschaaf** proveniente de Argentina. Existe poca estratificación de la producción ovina en cuanto a razas, cubriendo muchas de ellas un amplio sector (Hervé, 1991).

Según estimaciones, la distribución de razas como porcentaje de la masa total de Chile en 1978 fue la siguiente: **Merinos: 10%**; **Suffolk y Hampshire: 15%**; **Romney: 9%**; **Corriedale: 60%**. No existen cifras para las **Criollas** que aunque escasas, seguramente representan alrededor de un 10% (Hervé, 1997).

En Chile la explotación ovina constituye el 5% del stock de capital pecuario y el 1% de la producción agropecuaria (según cifras de 1985, citadas por Hernández, 1995). Se destaca de manera eficiente como una actividad pecuaria capaz de sustentarse y de utilizar mejor las praderas naturales que otras especies de importancia productiva. Además se considera como una empresa importante en generar trabajo en la producción textil y cárnea, representando así un núcleo económico importante para el país (Hernández, 1995). Por otro lado, su producción permite evitar importaciones de lana, de exportar un excedente considerable al igual que en carne, y fundamentalmente utilizar praderas naturales en mejor forma tal vez que otras especies domésticas de importancia nacional (Hervé, 1997).

La existencia de ovinos en Chile, según el VI Censo Nacional Agropecuario de 1997, es la siguiente:

Cuadro 1 . Existencia de ovinos por regiones en Chile. (1997)	
	<b>CABEZAS</b>
<b>PAIS</b>	<b>3.710.549</b>
I REGIÓN	46.005
II REGIÓN	14.984
III REGIÓN	8.640
IV REGIÓN	71.936
V REGIÓN	56.574
VI REGIÓN	184.690
VII REGIÓN	206. 1 20
VIII REGIÓN	186.251
IX REGIÓN	247.166
X REGIÓN	396.593
XI REGIÓN	337.565
XII REGIÓN	1.923.694
REGIÓN METROPOLITANA	30.241

La X<sup>ma</sup> Región concentra alrededor del 10% de la masa ovina nacional, constituyéndose en la segunda región en importancia en este aspecto. La Provincia de Valdivia cuenta con 19.195 unidades agrícolas que constituyen el 29% de los predios de la X<sup>ma</sup> Región; de éstas el 90% se encuentra en manos de pequeños agricultores (INE, 1991, citado por Alomar y col., 1987). Estos, independientemente del tamaño del predio, mantienen entre 5 y 20 ovejas madres en praderas naturales con superficies de pastoreo no mayores a 5 hás (Alomar y col., 1987).

### 3.3. UNIDAD OVINA SANTA ROSA

Este predio pertenece a la Universidad Austral de Chile, comprende 76 hás con 25 potreros de suelo transición trumao a rojo arcilloso, de baja fertilidad, usados en pastoreo directo.

En cuanto a su desarrollo, la Unidad Ovina se gestó en 1971, concretándose sólo en 1979 con el otorgamiento de un crédito CORFO a CEPA (Centro Experimental de Predios Agrícolas). Trescientas ovejas Romney fueron la base de este núcleo ovino. A partir de 1981 se desarrolló un programa destinado a mejorar la prolificidad a través de un convenio con el Ministerio de Agricultura que finalizó en 1988.

Este núcleo se desarrolló en dos aspectos:

1. Programa de mejoramiento de praderas.
2. Programa de mejoramiento genético con incorporación de la raza Finnish Landrace en 1983, destinada a superar los índices de fecundidad, fertilidad y prolificidad. Esto ha permitido subir el porcentaje de corderos nacidos por oveja paridas de 1,1 a 1,6 en promedio (Hervé, 1997).

### 3.4. RAZA AUSTRAL

El proyecto que dio inicio a la formación de la raza Austral comenzó a gestarse en el año 1981. En 1983 éste empezó a tomar forma con la llegada de dos carneros Finnish Landrace, la cual es una de las razas más prolíficas del mundo. Estos carneros, provenientes de Estados Unidos, fueron traídos con el fin de ser cruzados con ovejas Romney Marsh de la Unidad Ovina de Santa Rosa .

De esta manera la raza Austral fue creada en 1985 por la Universidad Austral con el propósito de obtener en los ovinos de esta zona, un mejor aprovechamiento de los recursos forrajeros para así conseguir carne de buena calidad y por otro lado aumentar los índices de fertilidad y prolificidad. Desde el año 1995 el rebaño de ovejas Austral del Predio Santa Rosa está conformado por un 100% de animales de la raza Austral<sup>3</sup>

---

<sup>3</sup> Dr. M. Hervé, comunicación personal.  
Instituto de Zootecnia, UACH.



Las principales características de las dos razas que dieron origen a la raza Austral son las siguientes:

Romney Marsh: De origen inglés, fue traída a la zona sur del país desde Nueva Zelandia, en la década de los 60. Son animales rústicos, de doble propósito, carne y lana, obtenidos a través de selección. Esta raza está especialmente adaptada para las regiones húmedas, frías y de vegetación abundante (García, 1965). Estos animales maduran tempranamente a pesar de las condiciones adversas del clima y suelen distribuirse a través de toda la extensión del terreno no importando el largo de la pastura (Ponting, 1980). De cara blanca, pigmentada en el hocico y ollares, de lana blanca larga, con finura alrededor de 30 mieras y 3-5 Kg de peso de vellón en las hembras. De maduración temprana, se usa en los pocos rebaños grandes puros que existen hoy en día y como raza para cruzar con la criolla o muy consanguínea de los pequeños productores. Posee una marcada estacionalidad reproductiva y corto período sexual. Los corderos pesan 30-40 Kg a los 3-5 meses de edad. La prolificidad es baja, 1,3 corderos nacidos en promedio. Su peso adulto es de 60 Kg en la hembra en condición corporal 3 y 90 Kg en los machos. Es una raza de tamaño intermedio (Hervé, 1991). En la Figura 1 se muestra una hembra adulta de la raza Romney Marsh.

Figura 1. Hembra adulta Romney Marsh.



Finnish Landrace: No es una raza de buena conformación y no engorda fácilmente. Los carneros adultos pesan alrededor de 72 Kg y las ovejas 54 Kg. Se usan en programas de cruzamientos para mejorar la prolificidad (Hervé, 1991). En la figura 2 se muestra un macho adulto de la raza Finnish Landrace.

Figura 2. Macho adulto Finnish Landrace



De estas dos razas descritas nace la raza Austral la cual tiene como principal característica un 50% más de corderos que la raza madre. Bien adaptada a rebaños pequeños donde su producción de corderos llega a ser mayor a 150% de las ovejas al encaste. También se obtiene un elevado potencial biológico de esta especie y de esta raza para la producción de corderos magros de calidad. Las hembras son de tamaño intermedio, 60 Kg y los machos alcanzan 90 Kg de peso. Las hembras producen 3-4 Kg de lana blanca en cada esquila (Hervé, 1997). La figura 3 muestra ejemplares de la raza Austral.

Figura 3. Rebaño Austral.



### 3.5. ENDOGAMIA

Endogamia o consanguinidad es el resultado del apareamiento de individuos que están relacionados el uno con el otro por algún ancestro en común, al ser parientes genéticos las crías producidas serán consanguíneas (Falconer y Mackay, 1996). La consanguinidad debe ser considerada como el sistema de apareamiento, cuya progenie es producida por padres que están más estrechamente emparentados que el promedio de la población a la que pertenece. Alternativamente, si los padres escogidos son menos emparentados que el promedio de su población, se habla de exocría o simplemente de cruzamientos y la cría es considerada como híbrida (Vogt y col., 1993). La consanguinidad por sí misma no constituye un obstáculo para el apareamiento. Los efectos negativos de la consanguinidad se deben al aumento de genotipos homocigotos. Los alelos recesivos indeseados estaban previamente ocultados en los genotipos heterocigotos. De esta forma, la consanguinidad puede purificar una raza. El proceso de 'purificación' puede ser extremadamente costoso si los ingredientes de las combinaciones hereditarias produce tipos pre-existentes indeseables o no viables. Por otra parte, aquellos individuos que se han hecho homocigotos por los caracteres deseables serán un material mucho más valioso en las manos del criador que el tronco del cual habían emanado, porque en virtud de su constitución hereditaria puede ahora criar animales puros por estos caracteres deseables (Romagosa, 1976).

La consecuencia inmediata de la endogamia es que el individuo consanguíneo recibirá una copia del mismo alelo de un antepasado común, así la consanguinidad incrementará el número de autocigotos (Crow y kimura, 1979). Las mutaciones están constantemente ocurriendo, siendo la mayoría de ellas en algún grado perjudiciales para la población. Los genes negativos dominantes son rápidamente eliminados ya que sus efectos son inmediatamente expresados y expuestos a la selección natural, pero en cambio aquellos genes negativos recesivos persistirán en la población por muchas generaciones antes de manifestarse en su forma homocigota (Crow, 1965).

La consanguinidad aumenta la homocigosis y la aumentará tanto en lo que se refiere a genes desfavorables como a los que no lo son. Si la consanguinidad se practica en forma intensiva, la homocigosis de los genes indeseables puede producirse a tal velocidad que el criador de ganado sufre una grave pérdida económica (Bogart, 1966).

El hecho que la consanguinidad aumente el número de pares de alelos homocigotos, cualquiera que sea la expresión fenotípica de estos genes, nos permite hacer algunas conclusiones (Lasley, 1970):

- ◆ La consanguinidad no aumenta el número de alelos recesivos en una población, sino que solamente los manifiesta por el aumento de la homocigosis. La frecuencia de los individuos homocigotos aumenta a medida que la endogamia progresa. En ausencia de mutación, migración y selección la frecuencia génica no cambia a través de las generaciones.

- ♦ La endogamia no descubre alelos dominantes, pues los individuos que son heterocigóticos mostrarán el efecto del alelo y en la mayoría de los casos hay poca o ninguna diferencia entre los individuos homocigotos dominantes y heterocigotos.

### 3.5.1. Consecuencias de la endogamia

Como se indicó anteriormente la endogamia es la acumulación de homocigosis, en desmedro de los heterocigotos, a partir de la población base. Considerando un modelo de un locus con dos alelos la frecuencia de heterocigotos en una población en equilibrio es  $2pq$ . Esta frecuencia la podemos indicar como  $H_0$ . Endogamia en términos de reducción de heterocigotos, en relación a la población base, se puede indicar como sigue (Falconer y Mackay, 1996):

$$F = \frac{H_0 - H_n}{H_0}$$

Donde:  $H_0$  = Frecuencia de heterocigotos en la generación n.

El valor de  $H_n$  es:

$$H_n = H_0 - H_0F$$

$$H_n = H_0(1 - F)$$

$$H_n = 2pq(1 - F)$$

$$H_n = 2pq - 2pqF$$

Donde:

$p$  = Frecuencia de un alelo  
 $q$  = Frecuencia del otro alelo.

Es decir los heterocigotos en la generación n disminuyen en una proporción  $2pqF$ . Se debe notar que si  $F=1$ , es decir la población es totalmente consanguínea, el genotipo heterocigoto desaparece. La disminución de heterocigotos indica un aumento de cada uno de los genotipos homocigotos en una proporción de  $pqF$  (Falconer y Mackay, 1996).

Los genes recesivos tienen por lo general efectos menos deseables que los dominantes, y por lo tanto, suele producirse alguna reducción en cuanto al promedio de calidad de los animales, es decir una disminución en la eficiencia fisiológica y reproductiva de la población (Phillips, 1949).

### 3.5.2. Depresión endogámica

La disminución en producción resultante de la consanguinidad es llamada depresión endogámica. La consanguinidad disminuye la proporción de heterocigotos y al mismo tiempo aumenta los homocigotos. De manera silenciosa algunos genes indeseables son mantenidos en la población debido a un balance entre selección y mutación, y la mayoría de esos genes son escondidos en heterocigotos (Nicholas, 1987).

En una población en equilibrio Hardy-Weinberg la media poblacional es (Falconer y Mackay, 1996):

$$M_0 = a(pqF) + 2dpq$$

Donde:

a = Valor genotípico del genotipo con efecto favorable.

d = Valor genotípico del heterocigoto

p y q = como se indicó anteriormente

Considerando un modelo de una característica la cual es influenciada en forma simple por 2 alelos, en una población endogámica la media poblacional se modifica de la siguiente manera:

	Genotipo		
	A <sub>1</sub> A <sub>1</sub>	A <sub>1</sub> A <sub>2</sub>	A <sub>2</sub> A <sub>2</sub>
Frecuencia Antes de la Endogamia	p <sup>2</sup>	2pq	
Frecuencia después de la Endogamia	p <sup>2</sup> + pqF	2pq(1-F)	q <sup>2</sup> + pqF
Valor Genotípico	a	d	-a
Frecuencia por Valor	a(p <sup>2</sup> + pqF)	d[2pq(1-F)]	-a(q <sup>2</sup> + pqF)

La media poblacional es la sumatoria de la frecuencia por el valor.  
Entonces en la generación n en una población endogámica la media poblacional es:

$$M_n = a(p^2 + pqF) + d[2pq(1 - F)] - a(q^2 + pqF)$$

$$M_n = a(p - q) + 2dpq - 2dpqF$$

Finalmente la reducción de la media poblacional en relación a la media de una población en equilibrio, es de  $2dpqF$ . En esta cantidad disminuirán las características productivas afectadas por endogamia. Si la característica en cuestión no presenta dominancia el valor de  $d$  es cero. En este caso la media poblacional no es reducida por la consanguinidad.

La depresión consanguínea se manifiesta en caracteres reproductivos. En una investigación con porcinos realizada en Midwest Regional Swine Breeding Laboratory, Dickerson y col. (1954), concluyeron que por cada 10% de aumento de consanguinidad de los lechones. había una disminución de hasta 0,44 cerdos por carnada al nacimiento (Vogt y col., 1993). La producción de leche se ha estimado que disminuye en 2% por cada 10% de aumento de endogamia. Las características de crecimiento también se deprimen en presencia de consanguinidad (Uribe, 1997). La consanguinidad tiene un marcado efecto deletéreo sobre la tasa reproductiva. Lax y Brown (1968) determinaron en ovejas Merino, que siendo la consanguinidad de la madre 9 veces mayor que la del feto en la variable número de cordero nacidos, la sobrevivencia fue más afectada por la endogamia del cordero que la de la madre (García, 1980). Según Stonaker (1977), resultados experimentales realizados con un nivel de consanguinidad de un 25% mostraron los siguientes efectos en ovinos. Peso al destete -11%, estado de carne -12%, pliegues del cuello +11%. Kushchenko (1978) estudió el efecto de 4 niveles de endogamia y encontró que en una población de Merinos sólo se produjo deterioro de la fertilidad a niveles de 25% de consanguinidad y la prolificidad prácticamente no se afectó (García, 1980). Glembockii (1956) afirmó que la tasa de parición era más baja y el porcentaje de abortos más alto en ovejas consanguíneas en comparación con las que no lo eran. A modo de aproximación, puede decirse que la consanguinidad de la madre Merino reduce el número de corderos nacidos por 100 ovejas encastadas en 1% en relación a la progenie de cruzamientos no emparentados (Coop, 1982)h- Ponzoni (1973) indicó que hasta un 20% de corderos nacidos vivos de cruzamientos entre medios hermanos se morirá antes del destete. Desgraciadamente, no es posible indicar la magnitud de la consanguinidad que puede producir daño, ya que iguales niveles de endogamia pueden ser muy perjudiciales en una población y no provocar efectos nocivos en otra (Magofke y col., 1979).

### 3.6. FACTORES QUE AFECTAN EL GRADO DE CONSANGUINIDAD DE UNA POBLACIÓN

#### 3.6.1. Tamaño efectivo de la población

En una población de animales coexisten normalmente individuos de todas las edades, no todos ellos llegan a la etapa reproductiva y de estos últimos, no todos se aparean, no necesariamente todos dejan descendencia que llegarán a su vez a reproducirse en la próxima generación (Uribe, 1997). Los gametos llevan sólo una "muestra" del pool de genes de los padres y mientras más pequeña sea el tamaño de la población más grande será la amplificación de esa muestra (Clifford, 1986).

El tamaño efectivo de la población ( $N_e$ ) es el número de individuos que se reproducirá para dar paso a la próxima generación (Falconer y Mackay, 1996). El cambio o acumulación de consanguinidad es:

$$\Delta F = \frac{1}{2 N_e}$$

Esta fórmula indica que mientras menor sea el tamaño efectivo de la población, mayor será la tasa de endogamia. Además es fácil visualizar que cuando una población es pequeña la posibilidad de cruzamientos entre individuos emparentados es mucho mayor que en una población grande (Uribe, 1997).

El tamaño efectivo de la población, cuando el número de hembras y machos es diferente, ha sido definido por Falconer y Mackay (1996) usando el doble de la media armónica del número de machos y hembras de la siguiente forma:

$$\text{Media Armónica} = \frac{1}{\frac{1}{2} \left( \frac{1}{N_M} + \frac{1}{N_H} \right)}$$

donde  $N_m$  y  $N_h$  es el número de machos y hembras respectivamente.

El doble de la media armónica es el tamaño efectivo de la población:

$$N_e = \frac{2}{\frac{1}{2} \left( \frac{1}{N_M} + \frac{1}{N_H} \right)}$$

Multiplicando ambos lados de la fórmula anterior por  $N_M N_H$

$$N_e N_M N_H = \frac{2 N_M N_H}{\frac{1}{2} \left( \frac{1}{N_M} + \frac{1}{N_H} \right)}$$

$$N_e = \frac{\frac{2 N_M N_H}{\frac{1}{2} \left( \frac{1}{N_M} + \frac{1}{N_H} \right)}}{N_M N_H}$$

$$N_e = \frac{2 N_M N_H}{\frac{1}{2} \left( \frac{N_M N_H}{N_M} + \frac{N_M N_H}{N_H} \right)}$$

$$N_e = \frac{2 N_M N_H}{\frac{1}{2} (N_H + N_M)}$$

$$N_e = \frac{4 N_M N_H}{N_H + N_M}$$

De esta manera, el cambio o acumulación de consanguinidad basado en el número de hembras y machos que se reproducen es:



$$\Delta F = \frac{1}{2 N_e} = \frac{1}{2 \left( \frac{4 N_m N_h}{N_m + N_h} \right)} = \frac{N_m + N_h}{8 N_m N_h} = \frac{N_m}{8 N_m N_h} + \frac{N_h}{8 N_m N_h} = \frac{1}{8 N_m} + \frac{1}{8 N_h}$$

### 3.6.2. Selección

Selección es la elección de los individuos que van a usarse como progenitores de la siguiente generación (Falconer y Mackay, 1996). Las razas ovinas más conocidas deben su origen al trabajo de selección fenotípica y al cruzamiento estrecho de la descendencia, para fijar algunas características (Olbrich, 1975). Con la selección se pretende que cada sucesiva generación sea al menos igual o mejor que la precedente. Para conseguir esto es preciso elegir los reproductores que contengan ciertas características, de tal manera que sobresalgan de la media del grupo, a fin de conseguir una descendencia superior (Torrent, 1986).

Cuando se seleccionan individuos de una población como padres de la próxima generación automáticamente se está disminuyendo el tamaño efectivo de la población. Esto, acarrea un aumento de consanguinidad. Al seleccionar animales de acuerdo a su valor reproductivo se están seleccionando familias superiores lo que lleva al cruzamiento de animales emparentados (Uribe, 1997).

### 3.7. COEFICIENTE DE ENDOGAMIA

No obstante la consanguinidad y sus efectos habrían preocupado a los biólogos desde Darwin, la primera definición de un coeficiente que la cuantificara fue hecha por Wright (1921-1922) a través de análisis de correlación. Posteriormente Barlett y Haldane (1935) y Fisher (1949) desarrollaron métodos para calcular el grado de consanguinidad de un individuo. Malécot (1948) hizo una derivación utilizando conceptos de probabilidad. Todos ellos llegando a idénticos resultados (Neira, 1985). De esta forma Malécot define el coeficiente de endogamia ( $F_x$ ) de un individuo  $x$  como "la probabilidad de que posea, en un locus, 2 genes idénticos por descendencia" (Pirchner, 1983).

El coeficiente de endogamia también se puede definir como el probable incremento de homocigosis resultante del cruzamiento de individuos más cercanamente emparentados que el promedio de la población, el valor que puede tomar es entre 0 a 1. A menudo se expresa en porcentaje que va entre 0 a 100% (Malécot, 1969).

### **3.8. PESOS DE LOS CORDEROS AL NACIMIENTO**

El tamaño de la cría al nacimiento está determinado, aparte de la nutrición durante la preñez, por el sexo, la raza, el tipo de parto del cordero y además por la edad de la madre (Goodwin, 1975).

A nivel nacional Vega y col. (1980), obtuvieron una heredabilidad de  $0,24 \pm 0,11$  tanto para peso al nacer como para peso al destete en ovinos Corriedale, los datos se corrigieron por efecto año, sexo, tipo de nacimiento, edad de la madre y edad del cordero. Los mismos autores determinaron correlaciones genéticas altas y positivas entre peso al nacer y peso al destete ( $0,72 \pm 0,23$ ). Las correlaciones fenotípicas entre estas variables fueron moderadas a bajas de un valor de 0,27.

#### **3.8.1. Sexo del cordero**

Corderos machos son generalmente más pesados que las hembras. Ya en la vida fetal existen diferencias, como lo expresa Everitt (1964), quién trabajando con ovejas Merino, observó que hacia el día 90 de gestación, los machos fueron 14,5% más pesados que las hembras. Por su parte Robinson y col (1977), quienes sacrificaron ovejas entre los 50 y 145 días de gestación determinaron que los machos fueron 6,4% más pesados que las hembras.

#### **3.8.2. Número de corderos nacidos**

El tipo de parto (únicos versus múltiples) influye fuertemente en el peso al nacimiento, siendo los corderos provenientes de un parto uniparo más pesados y continúan siendo más pesados a edades fijas que los dobles, disminuyendo su efecto con la edad del cordero (Eltawil y col , 1970). Es bien conocido que así como aumenta el tamaño de la carnada hay una disminución en el peso al nacimiento de la descendencia individual. Robinson y col. (1977), observaron reducción en el peso al nacimiento de 19, 20 y 14%, cuando aumentó el número de corderos de únicos a dobles, a triples y finalmente a cuádruples.

#### **3.8.3. Raza**

Los resultados de Donald y Russell (1970), demuestran que existen diferencias entre razas en el peso del cordero al nacimiento, así razas grandes dan corderos más pesados que razas pequeñas. Con los datos obtenidos, determinaron que el peso al nacimiento es una proporción del peso de la oveja al encaste y tiende a declinar cuando el peso de la oveja se eleva de razas pequeñas a grandes. Russel y col (1981) dicen que la nutrición durante la preñez puede modificar la relación entre peso de la oveja al apareamiento y peso del cordero al nacer.

#### **3.8.4. Edad de la madre**

Ovejas primíparas dan corderos más livianos al nacimiento que ovejas de mayor edad (Bradford y col., 1974). Se ha demostrado que el peso al nacimiento aumenta con la edad de la oveja hasta los 4 a 5 años, para luego disminuir. Es decir, los corderos más livianos al nacimiento son aquellos provenientes de ovejas de primer parto (Ray y Smith, 1966).

#### **3.8.5. Nutrición de la madre**

El nivel nutricional de la hembra gestante influye sobre el peso al nacimiento, demostrándose que aquellas que ganan peso durante este período, especialmente en el último tercio de la gestación, producen corderos más pesados, fuertes y vigorosos (Smith, 1977).

### **3.9. CONCLUSIÓN**

#### **3.9.1. Endogamia**

El criador, al crear nuevas razas, ha empleado los métodos de hibridación y de consanguinidad asociados con la selección. Ha practicado la crianza con selección, con el objeto de mantener y mejorar los caracteres apetecidos de su ganado y ha procurado mantener el valor híbrido en los cruces de razas (Romagosa, 1976). El problema nace cuando producto de esta búsqueda se termina trabajando con poblaciones demasiado cerradas en donde inevitablemente se termina por obtener altos valores de consanguinidad. Esto es lo que podría estar ocurriendo con la raza de ovinos Austral, la cual contó en su formación inevitablemente con cruzamientos de animales emparentados.

#### **3.9.2. Peso al nacimiento**

El peso de los corderos al nacimiento está influenciado por: sexo, número de corderos al nacimiento, raza, edad de la madre y nutrición de la madre.

### **3.10. OBJETIVOS**

Los objetivos de este trabajo son:

- 1) Estimar el grado de endogamia de esta población.
- 2) Aplicar un modelo animal para estimar valores genéticos y tendencia genética de peso al nacimiento.

## 4. MATERIAL Y METODOS

### 4.1. MATERIAL

#### 4.1.2. Registros

Los datos para realizar el primer objetivo el cual consistía en calcular el coeficiente de endogamia del rebaño Austral se obtuvieron de los cuadernos de registros del predio Santa Rosa. Estos cuadernos contienen los datos de los progenitores, fecha de nacimiento de su progenie, tipo de parto, peso al nacimiento (no en todos los años) y sexo de las crías. Para el cálculo se necesitaron todos estos datos exceptuando los dos últimos nombrados. Se trabajó con 8 años los cuales son los siguientes: 1987, 1988, 1989, 1990, 1991, 1992, 1993 y 1997. Tomando los 8 años, se tienen un total de 612 progenitores y 1757 crías.

La siguiente información fue ingresada en una base de datos según categoría:

- ◆ Madre, ésta lleva un número de identificación más un color que se señala de manera abreviada: AZ. BL. VE. CA, RO. AM etc. (Azul, blanco, verde, café, rojo y amarillo respectivamente).
- ◆ Padre y su identificación, de la misma manera como se señala para el caso de las madres.
- ◆ Las crías, éstas tienen el año de nacimiento, el sexo, su número correspondiente y además el color del arete.

Para ejemplificar esto se muestra a continuación un fragmento del material utilizado, es decir la manera en la que fue ordenado el material que se obtuvo desde los cuadernos de registros del rebaño ovino de Santa Rosa. El año de nacimiento que se muestra es el de las crías:

Cuadro 4. 1 . Fracción del material utilizado para calcular la endogamia.							
CRÍA	IDENTIF.	PADRE	IDENTIF.	MADRE	IDENTIF.	SEXO DE LA CRÍA	AÑO NCTO.
256	AM	314	VE	723	AZ	M	1993
318	AM	315	VE	207	BL	M	1993
254	AM	216	VE	127	BL	H	1993

Los números de identificación pueden en algunos años repetirse, sin embargo los colores cambian, haciendo así posible la distinción. Con todos estos datos recogidos de los registros se pudo obtener un total de 2369 registros de pedigrí, de los ocho años.

Para la realización del segundo objetivo, el cual consistió en calcular valores genéticos y fenotípicos de peso al nacimiento, se usaron solamente los registros que contenían los datos del cordero necesarios para el cálculo, es decir el peso al nacimiento y el tipo de parto.

La información necesaria fue:

- ◆ Madre, con su respectiva identificación por color y número.
- ◆ Cría, con su identificación, su año de nacimiento y su peso al nacimiento, además del tipo de parto del que provenían ya sea único, doble o triple.
- ◆ Padre, el cual lleva su número de identificación y color

Los años de nacimiento con los que se trabajó fueron: 1987, 1988, 1989, 1992, 1993, y 1994. Con estos datos se logró recopilar un total de 1224 pesos al nacimiento.

La edición de los datos se hizo usando diferentes procesos del paquete computacional Statistical Analysis System (SAS, 1990).

## 4.2. MÉTODOS

### 4.2.1. Estimación de consanguinidad

Uno de los métodos para calcular el coeficiente de endogamia es el descrito por Meuwissen y Luo (1992). En este método se ordenan cronológicamente los animales de mayor a menor y se forma un vector (**D**) el cual se calcula de la siguiente manera (Quass, 1976, citado por Schaeffer, 1993):

- a) Si ambos padres del animal  $i$  son conocidos.

$$d_{ii} = (.5 - .25(F_P + F_M))$$

donde  $F_P$  y  $F_M$  corresponde al coeficiente de endogamia del padre y madre del animal  $i$

- b) Si uno de los padres es desconocido:

$$d_{ii} = (.75 - .25(F_P))$$

donde  $F_P$  corresponde al coeficiente de consanguinidad del padre conocido.

- c) Si ambos padres son desconocidos:

$$d_{ii} = 1$$

Una vez que el vector **D** ha sido computado se forman tres columnas por cada animal. La primera columna contiene la identificación del animal, la segunda columna contiene un 1 para el animal (*i*) al cual se le está determinando el coeficiente de consanguinidad. La tercera columna corresponde al elemento *i* del vector **D**. Luego de formar estas tres columnas para el animal *i* se hace lo mismo con cada uno de los padres, abuelos, bisabuelos etc., de este animal. La diferencia está en el elemento de la segunda columna. A los ancestros del animal (*i*) les corresponde  $1/2^n$ , donde *n* es el número de generaciones entre el animal (*i*) y el pariente en cuestión. Algunos ancestros son padres, abuelos o bisabuelos de más de un animal en el pedigrí, entonces se deben sumar los elementos de la segunda columna por cada animal. La sumatoria del cuadrado de los elementos de la segunda columna multiplicado por el correspondiente elemento de la tercera columna resulta en el parentesco del animal (*i*) con el mismo. Restándole 1 a esta estimación finalmente se obtiene el coeficiente de consanguinidad del animal (*i*), (Schaeffer, 1993)

La estimación del coeficiente de endogamia para cada animal se realizó mediante un programa computacional desarrollado por Schaeffer (1995) escrito en lenguaje FORTRAN 77 (Anexo 1). El programa fue ejecutado usando un compilador WATFOR-77, (Coschi y Schueler, 1987), bajo una plataforma DOS.

#### 4.2.2. Estimación de tendencia genética

Para estimar la tendencia genética de peso al nacimiento se estimaron valores genéticos para esa característica usando el siguiente modelo estadístico.

$$y_{ijklm} = \mu + \text{Año}_i + \text{TP}_j + S_k + a_l + e_{ijklm}$$

donde:

$y_{ijklm}$  = es un peso al nacimiento observado en el *i*-ésimo año. *j*-ésimo tipo de parto, *k*-ésimo sexo por el *l*-ésimo animal.

$\text{Año}_i$  = es el efecto fijo del *i*-ésimo año.  $i = 1, 2, \dots, 7$ .

$\text{TP}_j$  = es el efecto fijo del *j*-ésimo tipo de parto  $j = 1, 2, 3$

$S_k$  = es el efecto fijo del *k*-ésimo sexo,  $k = 1, 2$

$a_l$  = es el efecto genético aleatorio del *l*-ésimo animal

$e_{ijklm}$  = efecto aleatorio residual

En notación matricial el modelo es:

$$y = Xb + Zu + e$$

donde:

$y$  = vector de pesos al nacimiento

$X$  = Matriz de diseño relacionando los efectos fijos con las observaciones

$b$  = vector desconocido de efectos fijos

$Z$  = Matriz de diseño relacionando el efecto genético animal con las observaciones.

$u$  = vector aleatorio desconocido de efectos genéticos aditivos

$e$  = vector de residuales aleatorios

Las esperanzas son:

$$E(y) = XB; \quad E(u) = 0; \quad E(e) = 0$$

La estructura de (co)varianzas es:

$$V \begin{pmatrix} u \\ e \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A\sigma_u^2 & 0 \\ 0 & I\sigma_e^2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{pmatrix}$$

donde:

$A$  = es la matriz de parentesco genético aditivo

$I$  = es una matriz idéntica de dimensión igual al número de observaciones

La varianza del vector de observaciones ( $y$ ) es:

$$V(y) = ZGZ' + R$$

Uno de los supuestos del modelo fue que la edad de la madre no tiene efecto en el peso al nacimiento del cordero. Este efecto no se incluyó en el modelo ya que esta información no estaba disponible.

Las ecuaciones de un modelo mixto según Henderson (1984) son:

$$\begin{pmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{pmatrix} \begin{pmatrix} b \\ u \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'y \\ Z'y \end{pmatrix}$$

donde:

$$\alpha = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_u^2}$$

Las varianzas ( $\sigma_e^2, \sigma_u^2$ ), necesarias para resolver el sistema de ecuaciones, fueron obtenidas de valores de la literatura. La solución de los vectores desconocidos ( $b, u$ ) se obtiene de la siguiente manera

$$\begin{pmatrix} b \\ \hat{u} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'X & X'Z \\ Z'X & Z'Z + A^{-1}\alpha \end{pmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} X'y \\ Z'y \end{pmatrix}$$

Luego de editar los datos, estos fueron analizados usando el programa computacional PEST (Groeneveld y col. 1990).



## 5. RESULTADOS

### 5.1. ESTIMACIÓN DE CONSANGUINIDAD

Desde los cuadernos prediales fue posible recuperar 1757 nacimientos. La distribución de los nacimientos a través de los años se muestra en el Cuadro 5.1.1.

Año	Número de nacimientos	Observaciones %
1987	85	4,8
1988	241	13,7
1989	195	11,1
1990	354	20,1
1991	283	16,1
1992	263	15,0
1993	79	4,5
1997	257	14,6
Total	1757	100

El Cuadro 5.1.2 muestra la cantidad de animales obtenidos de los registros del rebaño ordenados por las 3 categorías: Padre, madre, crías.

	Totales para los 8 años.	% de las observaciones
Madres	515	21,7
Padres	97	4,1
Total progenitores	612	25,8
Número de crías	1757	74,1
Total de animales	2369	100

El cuadro 5.1.3 muestra el total de datos que se usaron para estimar el coeficiente de endogamia y aquellos datos que tuvieron que ser eliminados de la base de datos.

Cuadro 5.1.3 Número de animales eliminados y animales que quedaron				
		Animales Eliminados	Animales que quedaron	% de eliminación
Total de crías	1757	439	1318	18.5
Total progenitores	612	0	612	0
Total	2369	439	1930	18.5

El Cuadro 5.1.4 muestra el número de animales que finalmente ingresaron a la matriz de parentesco luego de la eliminación.

Cuadro 5. 1 .4 Número de animales que ingresaron a la matriz de parentesco	
	TOTAL
Crías	1318
Progenitores	612
Total	1930

Del total de animales sólo 8 presentaron algún grado de consanguinidad, cuyos valores fueron mayores al promedio del rebaño.

## **5.2. TENDENCIA GENÉTICA Y FENOTÍPICA DE PESO AL NACIMIENTO EN CORDEROS AUSTRAL**

Usando la información disponible de los registros del predio Santa Rosa y aplicando el modelo animal BLUP, se obtuvieron valores genéticos y fenotípicos por año para peso al nacimiento. En el cuadro 5.2.1 se presentan valores promedios, mínimos y máximos para valores genéticos y fenotípicos.

Cuadro 5.2. 1 Valores genéticos y fenotípicos promedios, mínimos y máximos para peso al nacimiento a través de 6 años.							
Año	Observaciones	Valores Genéticos			Valores Fenotípicos		
		Promedio	Mínimo	Máximo	Promedio	Mínimo	Máximo
1897	173	0,00	-0,41	0,57	3,61	2,0	6,5
1988	336	0,04	-0,77	0,77	3,52	1,5	6,4
1989	136	0,03	-0,52	1,49	3,42	1,7	7,9
1992	243	0,02	-0,71	0,53	3,33	1,5	5,5
1993	258	0,00	-0,45	0,39	3,47	1,6	5,6
1994	77	0,04	-0,37	0,39	2,71	1,3	4,5

El cuadro 5.2.2 muestra estimaciones lineales insesgadas según tipo de parto y sexo del cordero.

Cuadro 5.2.2 Estimaciones lineales insesgadas de peso al nacimiento para tipo de parto y sexo del cordero.	
Efecto	Estimación (Kg)
Tipo de parto	
Único	0,5
Doble	-0,2
Triple	-0,39
Sexo del cordero	
Macho	0,1
Hembra	-0,11

## 6. DISCUSION

### 6.1 ESTIMACIÓN DEL COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD

El coeficiente de consanguinidad estimado para el rebaño Austral del predio Santa Rosa fue de un valor 0 para la gran mayoría de animales, sólo 8 animales tuvieron un valor levemente superior a 0. Este resultado en ningún caso representa la verdadera situación del predio, ya que de acuerdo al tamaño poblacional y siendo una población cerrada, se esperaría un coeficiente que puede ir entre valores de 10 a 15% de consanguinidad (Uribe, 1997).

Los resultados obtenidos se pueden atribuir a los siguientes motivos:

- Falta de información correspondiente a los años 1994, 1995 y 1996. Esta, a pesar de encontrarse en cuadernos del rebaño, no fue de utilidad ya que no se pudo, a partir de estos datos, crear una matriz de parentesco. Pese a existir cuadernos de encaste y parto por separado ambos no coincidían en la información correspondiente. Por ejemplo, se señalaba a determinada hembra cubierta por un macho en el registro de encaste y luego al buscarla en el cuaderno de parto ésta no aparecía sino que se registraban otras hembras con distintas identificaciones y con sus respectivas crías. Debido a que esto ocurrió en los últimos años la información recopilada en el año 1997 no tuvo ninguna significancia para efectos del cálculo. Al encontrarse los 3 años anteriores a este sin información y considerando un lapso intergeneracional máximo de 2 años, todos aquellos animales nacidos durante 1997 no poseían ningún tipo de parentesco con los animales nacidos en el año 1993. Al no ser parientes los padres de los animales nacidos en 1997, que representaban un 14% del total, sus crías tienen un coeficiente de endogamia igual a 0 (Falconer y Mackay, 1996).
- Otra razón que explica los resultados del primer objetivo fue que del total de corderos nacidos en los años de estudio hubo 439 corderos con identificaciones repetidas, esto correspondía a un 25% del total de crías. Estos animales al tener identificaciones similares no podían ser ingresados al archivo de pedigrí ya que de hacerlo los resultados no serían válidos, pues un mismo animal no puede estar en el pedigrí más de una vez, o mejor dicho no es posible que aparezca como nacido en 2 años diferentes.

A partir de los nacimientos que no fueron eliminados, los cuales corresponden a un 75% del total de nacimientos, fue posible identificar 1318 animales, quedando así 1930 animales en total de los cuales 97 aparecieron como padres y 515 como madres. De los 612 progenitores identificados solamente 113 de ellos, es decir un 19%, presentaron ancestros identificados, es decir abuelos o bisabuelos de los corderos nacidos, el 81% restante (499) tiene progenitores desconocidos.

Si los progenitores son desconocidos se asume que no son parientes, al no serlo la consanguinidad de sus descendientes es 0. Esto fue lo que ocurrió en el rebaño Austral del Predio Santa Rosa, en la cual sólo 8 animales del total presentaron algún grado de endogamia.

### **6.1.2. Conclusión**

De acuerdo al trabajo realizado y a la recopilación de los registros existentes no se pudo llegar a una conclusión fehaciente ya que la información requerida para llegar a los resultados esperados, no fue encontrada. Esto se debió a la deficiencia y escasez de registros.

La falta de información requerida se debe en parte a que el sistema de identificación con arete no resulta efectivo ya que algunas veces estos son reutilizados en años siguientes, de esta manera aparecen animales diferentes con una misma identificación. Esto lleva a contusiones y se hace difícil la diferenciación de animales.

Por lo anteriormente expuesto la primera parte de este trabajo no se pudo concretar.

Investigaciones de este tipo no pueden ser llevadas a cabo si la información necesaria para realizarla no se encuentra disponible de una manera más precisa y completa. Cualquier estudio genético requiere obligadamente de registros que puedan asegurar que sus resultados sean confiables. De manera contraria los resultados obtenidos no tendrán ninguna validez, como sucedió con los 8 animales los que presentaron un bajo porcentaje de endogamia .

## **6.2. TENDENCIA GENÉTICA Y I ENOTÍPICA DE PESO AL NACIMIENTO EN CORDERO AUSTRAL**

Como se muestra en el Cuadro 5.2.1 se analizaron un total de 1223 pesos al nacimiento, los cuales se distribuyen en 6 años de parto. Los animales incluidos en el modelo (considerando aquellos ingresados a través de la matriz de parentesco) fueron 1920.

Los valores genéticos durante los años observados promediaron valores cercanos a 0, esto indicaría que la variable peso al nacimiento no ha sufrido cambios y en promedio los pesos al nacimiento son iguales que en la población base. Con excepción del año 1994 la misma tendencia se observa a nivel fenotípico.

En 1994 los nacimientos promediaron 2,71 kilogramos, valor considerablemente inferior al resto de los años analizados, ya que del año 1987 a 1993 exceptuando 1990 promedian 3,47 Kg, esto puede deberse con seguridad al tamaño muestra! de ese año, el cual es notoriamente más pequeño que el resto, por lo tanto, la muestra de 77 observaciones puede no ser representativa de la realidad.

Las estimaciones lineales insesgadas para tipo de parto y sexo del cordero presentadas en el Cuadro 5.2.2 muestra que los corderos nacidos en partos únicos fueron 0,7 y 0.89 kilogramos más pesados, comparados con corderos nacidos en partos dobles y triples, respectivamente. Las hembras al nacer, fueron 0,21 kilogramos más livianas que los corderos machos. Las estimaciones para tipo de parto y sexo del cordero concuerdan con lo que se esperaría en la práctica. Análisis para ver la significancia estadística de estos resultados no se realizaron.

### **6.2.1. Conclusiones**

Según los resultados obtenidos, el peso al nacimiento en el rebaño Austral del predio Santa Rosa no ha sufrido cambios genéticos ni fenotípicos desde el inicio de esta raza. Sin embargo, estos valores pueden deberse a que la matriz de parentesco que se usó para estimar los valores genéticos de peso al nacimiento tampoco fue completa. Con esto aquellos animales sin información de los parientes reciben un valor genético similar al promedio de la población base y el promedio de la población base por definición es 0.

Existe variabilidad genética para peso al nacimiento, por lo que esta característica es susceptible a ser genéticamente modificada a través de selección si el criador así lo requiere.

## 7. BIBLIOGRAFIA

- ALOMAR, C. D.; A. VOULLIEME; D. VILICIC. 1987.** Manejo de la ganadería menor por pequeños agricultores de la Provincia de Valdivia. 1: Ovinos. Simiente. 57(4): 184-190.
- BARLETT, M.; J. B. HALDANE. 1935.** The theory of inbreeding with forced heterocigosis. J. Genet. 31:327-340.
- BOGART, R. 1966.** Crianza y mejora del ganado. Ed. Herreros. México.
- BRADFORD, G. E.; C. S. TAYLOR; J. F. QUIRKE; R. HART. 1974.** An egg-transfer study of litter size, birth weight and lamb survival. Anim. Prod 18: 249-263.
- CLIFFORD, J. 1986.** Introduction to natural selection. Ed. University Park Press. Baltimore. United States of America.
- COOP, Y. 1982.** Sheep and goat production. Ed. Elsevier Scientific. Amsterdam. Germany.
- COSCHI, G.; J. B. SCHDELER. 1987.** WATFOR-77 User's Guide. IBM PC with DOS. Fourth. Ed. Watcom. Canada.
- CROW, J. 1965.** Genetics notes. Ed. Burgess Publishing Company. Minneapolis. United States of America.
- CROW, J.; M. KIMURA. 1979.** An introduction to population genetics theory. Ed. Harper & Row, Publishers. New York. United States of America.
- DICKERSON, G. E.; C. T. BLUNN; A. B. CHAPMAN; R. M. KOTTMA; J. L. KRIDER; E. J. WARWICK; J. A. WHATLEY. 1954.** Evolution of selection in developing inbred lines of swine. Agric. Exp. . 551.
- DONALD, H. P.; W. S. RUSSELL. 1970.** The relationship between live weight of ewe at mating and weight of newborn lamb. Anim. Prod. 12: 273-280.
- ELTAWIL, E.; L. N. HAZEL; G. M. SIDWELL; C. E. TERRILL. 1970.** Evaluation of environmental factors affecting birth, weaning and yearling traits in Navajo sheep. J. Anim. Sci. 3J; 823-825
- EVERITT, G. 1964.** Maternal undernutrition and retarded foetal development in Merino Sheep. Nature. 201: 1341-1342.

- FALCONER, D. S.; F. C MACKAY. 1996.** Introduction to quantitative genetics. Ed. Logman Scientific & Technical. England
- FAO, ORGANIZACIÓN MUNDIAL DE LAS NACIONES PARA LA AGRICULTURA Y ALIMENTACIÓN. 1996.** Anuario de la Producción: 50. Roma. Italia.
- FISHER, R.A. 1949.** The theory of inbreeding. Academic Press. N.Y and London. England.
- GARCÍA, G. 1965.** Explotación del ganado ovino. Ed. Editorial del Pacifico, S.A. Santiago. Chile.
- GARCÍA, X. 1980.** Mejoramiento genético de ovinos. Departamento de Ganadería y Producción Pratense. Publicación Docente N° 6. Universidad de Chile. Facultad de Agronomía. Santiago. Chile.
- GLEMBOKII, J. L. 1956.** Inbreeding in study work with fine-wooled sheep. Byull. most. Obsch. Ispyt. Prir. Ltd. brol., 61(4): 23-36. (A.B.A. ,25, N° 1321).
- GOODWIN, D. 1975.** Producción y manejo del ganado ovino. Zaragoza. España.
- GROENEVELD, E.; M. KOVAC; T. WANG. 1990.** A general purpose package for multivariate prediction and estimation. Proceedings of the 4th. World Congress on Genetic applied to Livestock Production.. Edinburgh. 488-491.
- HELMAN, M. 1952.** Ovinotecnia. Ed. El Ateneo. Buenos Aires. Argentina.
- HENDERSON, C. R. 1984.** Applications of lineal models in animal breeding. Univ. Guelph, Ontario. Canada.
- HERNÁNDEZ, J. 1995.** Análisis productivo de un rebaño pequeño de ovejas Austral. Tesis Medicina Veterinaria, Universidad Austral de Chile. Facultad de Ciencias Veterinarias. Valdivia. Chile.
- HERVÉ, M. 1991.** Apuntes de zootecnia general. Universidad Austral de Chile. Valdivia. Chile.
- HERVÉ, M. 1997.** Apuntes de zootecnia general. Universidad Austral de Chile. Valdivia. Chile.
- KUSHCHENKO, P. T. 1978.** Effect of inbreeding on the reproductive performance of sheep. Animal Breeding Abstract. 46: 6033.
- LASLEY, F. 1970.** Genética del mejoramiento del ganado. Universidad de Missouri. Estados Unidos.



- LAX, J.; G. H. BROWN. 1968.** The influence of maternal handicap, inbreeding, and ewe's body weight at 15-16 month of age an reproduction rate in Australian Merinos. Aust. L of Agric. Res. 19: 433-42.
- MAGOFKE, J.; A. MANCILLA; R. NEIRA. 1979.** Conceptos en genética animal. Departamento de Ganadería y Producción Pratense. Publicación Docente N° 2. Universidad de Chile. Facultad de Agronomía. Santiago. Chile.
- MALÉCOT, G. 1948.** Les mathématiques de l'heredité. Ed. Cie. Paris. France.
- MALÉCOT, G. 1969.** The mathemathics heredity. Ed. W.H Freeman and Company. San Francisco. United States of America.
- MEUWISSEN, T.; Z., LUO. 1992.** Computing inbreeding coefficients in large populations. Genet. Sel. Evol. 24:(4) 305-313.
- NEIRA, R. 1985.** Introducción al estudio de la consanguinidad en animales. Departamento de Producción Animal. Publicación Docente N° 11. Universidad de Chile. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales. Santiago. Chile.
- NICHOLAS, F. 1987.** Veterinary genetics. Ed. Butler & Tanner Ltd. New York. United States of America.
- OLBRICH, W. 1975.** Ovejera intensiva. Ed. M. Sánchez y Cía. Ltda. Santiago. Chile.
- PHILLIPS, R. 1949.** La cría del ganado en ambientes desfavorables. Ed. La Prensa Médica Mexicana. México.
- PIRCHNER, F. 1983.** Population genetics in animals breeding. Ed. Plenum. New York. United States of America.
- PONTING, K. 1980.** Sheep of the world. Ed. Blandford Press Ltda.. Great Britain.
- PONZONI, R. 1973.** Aspectos modernos de la producción ovina. Ed. Departamento de Publicaciones. Montevideo. Uruguay.
- RAY, E. E.; S. L SMITH. 1966.** Effect of body weight of ewes on subsequent lamb production. J. Anim. Sci. 25: 1172-1175.
- ROBINSON, J. J.; I. McDONALD; C. FRASER; R. M. CROFTS. 1977.** Studies on reproduction in prolific ewes. I. Growth of the products of conception. J. Agrie. Sci., Camb. 88: 539-552.
- ROMAGOSA, J. 1976.** Selección de ovejas. Ed. Pons. Madrid. España.

- ROMAGOSA, J. 1976.** Selección de ovejas Ed. Pons. Madrid. España.
- RUSSELL, A.; J. Z. FOOT; I. R. VVHITE. 1981.** The effect of weight at mating and nutrition during mid-pregnancy on the birth weight of lambs from primiparous ewes. J Agric. Sci. 97:-723-729.
- SAS<sup>c</sup> User's Guide: Statistics, Version 6.4.** Edition 1990. SAS Inst. Inc. Cary. NC.
- SCHAEFFER, L. R. 1993.** Lineal models and computing strategies in animal breeding. (class notes). University of Guelph. Guelph. Ontario. Canada
- SCHAEFFER, L. R. 1995.** Computing strategies. (class notes). University of Guelph, Guelph, Ontario. Canada.
- SMITH, G. M. 1977.** Factors affecting birth weight, dystocia and preweaning survival in sheep J. Anim. Sci 44 745-753.
- STONAKER, H. 1977.** La Genética en el mejoramiento animal Ed Herrero Unos. México.
- TORRENT, M. 1986.** La oveja y sus producciones. Ed Aedos, S.A. Barcelona. España
- URIBE, H. A. 1997.** Genética ganadera. Apuntes de Clases Instituto de Zootecnia. Universidad Austral de Chile Valdivia Chile
- VEGA, M.; X. GARCIA; A. MANSILLA. 1980.** Efectos ambientales y genéticos sobre características de peso corporal y peso del vellón en ovinos Corriedale VII Congreso Mundial de Criadores de Corriedale, Febrero 1980. Magallanes. Chile
- VOGT, D.; H. SWARTZ; .I. MASSEY. 1993.** Inbreeding: its meaning, uses and effects on farm animals Agricultural Publication G02911. [Http //muextension.missouri edu./xplor/agguides/ansci/g02911 htm.](http://muextension.missouri.edu/xplor/agguides/ansci/g02911.htm)
- WRIGHT, S. 1921.** A Systems of mating: I The biometric relations between parent and offspring. Genetics 6: 111-123

## 8. ANEXO

Programa computacional escrito en Lenguaje FORTRAN 77 usado para calcular el coeficiente de consanguinidad de cada animal en el archivo de pedigrí (Schaeffer, 1995).

```

c Program to calculate inbreeding coefficient, based on Meuwisen and
c Luo, 1992. Written by LRS
c See notes Lineal Model (LRS) pgs. 142-144
c
c assumes that pedigree file is
c 1) sorted from oldest to youngest
c 2) consecutively numbered animals
c 3) Unknown parents indicated by zeros

c Declaration
parameter(nam= 10000,mvec=2000)
integer sire(nam),dam(nam),idvec(mvec),vid(invec),
x kanim, ksire,kdam
real*8 d2vec(nam),fi(nam),tvec(mvec),tv(mvec),FS,FD,D2,x
mam=0
open( 10,file='c :\ae\pedigree.dat',form='formatted',
x status='old')
open( 11, file=c :\ae\inbred\pedinbre.d',form='formatted',
x status='unknown')
c
c
c clear dam and sires arrays to zero
c
call zerol4(sire,nam)
call zero14(dam,nam)
call zerol8(d2vec,nam)
call zerol8(fi,nam)
c
c read in all pedigrees
c
10 read(10,1001,err=9001,end=15)kanim,ksire,kdam
1001format(3i5)
c 1001 format(i5,i6,i2)
print*,kanim,ksire,kdam
mam=mam + 1
c

```

```

c next if statement checks that number of animal do not exceed
c the number indicated in the declaration (nam)
c
  if(mam.gt.nam)go to 9002
  sire(mam) = ksire
  dam(mam) = kdam
c
c make sure sire and dam appear before kanim in pedigrees
c data must be sorted from the oldest to youngest
c
  if(ksire.gt.mam.or.kdam.gt.mam)go to 9003
  go to 10
c
c Begin Meuwissen and Luo (1992) procedure
c
15  print*, 'number of pedigrees in',mam
    do 20 ia=1, mam
c
c Put animal al beginning of idvec and tvec, compute d2 value
c
c   write( ll,3001)ia
c 3001  format (' Beginning Animal',i4)
        idvec(1)
        ia tvec(1)- 1.0
        nidv=1
        mat=1
c   write( 11,3002)idvec( 1 ),Tvec( 1)
c 3002  format(6x,'idvec-',i4,' tvec-',f12.4)
c
c   d2 value
c
        js=sire(ia)
        jd=dam(ia)
        fs=-1.0
        fd=-1.0
        if(js.gt.0)fs=fi(js)
        if(jd.gt.0)FD=FI (JD)
        D2=0.5-0.25*(FS+FD)
        d2vec(ia)=d2
c
c add parents of individual mat
c
25  js=sire(idvec(mat))
    jd dam(idvec(mat))
    if(js.gt.0)then

```

```

        nidv-=nidv+1
        idvec(nidv)=js
        tvec(nidv)=0.5*tvec(mat)
c      write(1 1,3002)idvec(nidv),tvec(nidv)
        endif
30     if(jd.gt.0)then
            nidv=nidv + 1
            idvec(nidv)=jd
            tvec(nidv)=0.5*tvec(mat)
c      write(11 ,3002)idvec(nidv),tvec(nidv)
            endif
35     mat=mat + 1
            if(mat.le.nidv )go to 25
c
c      All possible ancestor added to Idvec
c
c      AccumulateT values of ancestors that appear moer than once
c
40     munq= 0
            do 45 k=1,nidv
                mp= munqi + 1
                vid(mp)=idvec(k)
                tv(mp)=tvec(k)
                j=0
47     j=j+1
            if(idvec(k).ne.vid(j))go to 47
            if(j.lt.mp)then
                tv(j)=tv(j)+tvec(k)
            else
                munq=munq+1
            endif
45     continue
c
c      square values in tv and multiply times d2 values
c
        x=-1.0
        do 55 I=1,munq
            ja=vid(i)
            x=x+tv(i)*tv(i )*d2vec(ja),x
c      write(11,3003)ja,tv(i),d2vec(ja),x
3003   format(10x,i5,2f12.5,f 14.8)
55     continue
        fi(ia)=x
        write( 11,2001)IA,SIRE(ia),dam(ia),d2vec(ia),fi(ia)
2001   format(3i6,2f15.8)

```

```
20    continue
      go to 9005
9001  print*, 'Error in Data File - Unit 10'
      go to 9005
9002  Print*, 'Total number of animals too large'
      go to 9005
9003  print *, 'Parents do not come before offspring'
9005  Print *, 'End of Program'
      stop
      end
```

```
      Subroutine zerol4(vec,size l)
          Integer size l ,vec(size l)
c      Real vec(size l)
```

```
          Do 10i=1, size l
              Vec(i)=0.0
10      Continue
      return
      end
```

```
      Subroutine zerol8(vec,size l)
          Integer size l
          Real*8 vec(size l)
```

```
          Do 10 i=1,size l
              vec(i)=0.D0
10      Continue

      return
      end
```