

RESULTADOS DE EXPERIENCIAS DE INVESTIGACIÓN SOBRE FIBRA DE ALPACA

Juan Pablo Gutiérrez García

Dpto. Producción Animal. Facultad de Veterinaria. 28040 Madrid.

E-mail: gutgar@vet.ucm.es

http://www.ucm.es/info/prodanim/html/JP_Web.htm

Gutiérrez, J.P.^{1*}, I. Cervantes¹, M.A. Pérez-Cabal¹, R. Morante², A. Burgos², C. Salgado¹, B. Nieto¹, L. Varona³, F. Goyache⁴

¹ Dpto. Producción Animal. Facultad de Veterinaria. 28040 Madrid. España.

² PACOMARCA S.A., P.O. BOX 94, Av. Parra 324, Arequipa, Perú.

³ Unidad de Genética Cuantitativa y Mejora Animal, Facultad de Veterinaria. Universidad de Zaragoza, C/Miguel Servet 177, E-50013 Zaragoza, España.

⁴ SERIDA-Deva, Camino de Rioseco 1225, E-33394 Gijón, España.

* Author for correspondence: e-mail: gutgar@vet.ucm.es

RESUMEN

En este texto se sintetizan los primeros resultados obtenidos para la mejora genética de la alpaca en el programa de PACOMARCA S.A.. En primer lugar, se muestra la influencia de efectos sistemáticos sobre distintas variables relacionadas con la producción de fibra de alpaca. La edad, la raza y el mes y el año de registro del rendimiento resultaron significativos para casi todos los caracteres productivos, no apreciándose prácticamente ninguna significación de efectos sobre caracteres de tipo. Los análisis de parámetros genéticos muestran en general heredabilidades entre moderadas y altas, sugiriendo una buena respuesta a la selección. La selección utilizando como criterio el diámetro de la fibra resulta aconsejable a la vista del análisis de las correlaciones genéticas entre caracteres. El análisis de los caracteres de tipo sugiere que sería preferible no utilizar estos caracteres como criterio de selección a menos que ellos fueran considerados un objetivo de selección en sí mismos. La búsqueda de genes mayores para caracteres de calidad de fibra parece indicada a la vista de los resultados obtenidos del análisis de segregación que sugiere la existencia de uno o dos genes de este tipo. Finalmente, el análisis sobre la variación de la fibra con la edad del animal permite concluir que la selección orientada a disminuir el diámetro de fibra proporcionará una respuesta correlacionada favorable que limitará el engrosamiento de la fibra con la edad.

INTRODUCCIÓN GENERAL

En este texto se van a exponer los resultados obtenidos por el grupo de investigación 920332 de la Universidad Complutense de Madrid en colaboración con la empresa PACOMARCA S.A. del grupo INCA, a quien pertenece el material utilizado. Dicho material es gestionado por una aplicación informática de desarrollo propio (PacoPro), que posee básicamente las siguientes tablas de datos de interés:

- Nacimientos. Es básicamente el registro genealógico con la información de pedigrí, sexo, raza y color, y algunos datos de pesos y alturas del individuo al nacimiento.
- Defectos.
- Condición física. Pesos y alturas a distintas edades.

- Fenotípico. Caracteres morfológicos de interés valorados de forma subjetiva del 1 al 5.
- Empadre. Con información sobre el momento del apareamiento.
- Test de preñez.
- Abortos.
- Esquila. Datos sobre pesos del vellón y longitud de mecha.
- Escojo de vellón. Clasificación de rendimientos por calidades.
- Análisis de fibra. Es ésta la tabla más importante con medidas del diámetro de la fibra y su variabilidad.
- Examen Veterinario
- Medicaciones
- Muertes
- Shows y presentaciones
- Colores.

Las tablas empleadas en los estudios realizados fueron la de Nacimientos, Fenotípico, Esquila, Escojo y Análisis de Fibra, siendo particularmente importantes la primera y la última.

Los resultados que se incluyen aquí se refieren a los siguientes capítulos:

1. Análisis de los efectos ambientales que influyen en caracteres productivos en alpacas.
2. Análisis genético de seis caracteres productivos en alpacas.
3. Parámetros genéticos y relación entre caracteres de fibra y caracteres de tipo en alpacas.
4. Genes mayores afectando el rendimiento de caracteres de fibra en alpacas.
5. Parámetros genéticos para crecimiento del diámetro de fibra en alpacas.

1. Análisis de los efectos ambientales que influyen en caracteres productivos en alpacas.

Se estudió la influencia de diversos efectos sistemáticos sobre los caracteres más importantes presentes en las bases de datos. Se utilizó el PROC GLM del paquete SAS/STAT (1999).

La influencia de factores sistemáticos sobre caracteres de calidad de fibra se presenta en la Tabla 1. El mes y la interacción entre mes y año de esquila influyeron significativamente en el rendimiento ($p < 0,001$). Asimismo, influyeron también la raza, el color de la capa y su interacción, y la edad del animal como covariable, tanto lineal como cuadrática. Otros factores, como el sexo del animal, el laboratorio de análisis o el lugar de donde se tomó la muestra, no resultaron, en general, significativos.

La influencia de factores sistemáticos sobre caracteres de rendimiento en la esquila se presenta en la Tabla 2. Los efectos que resultaron significativos fueron aproximadamente los mismos que los encontrados para caracteres de calidad de fibra, aunque en este caso también el color de la capa resultó significativo.

Finalmente la influencia de factores sistemáticos sobre caracteres morfológicos subjetivos puntuados de 1 a 5 se muestra en la Tabla 3. La mayoría de los efectos

incluidos en el modelo presentaron poca o nula significación, mostrando así que el calificador es capaz de valorar los distintos caracteres teniendo en cuenta estos mismos factores. Por ejemplo, es capaz de apreciar las diferencias que podría proporcionar el hecho de que determinados animales sean calificados a una determinada edad y otros a otra.

Tabla 1. Influencia de factores sistemáticos sobre caracteres de calidad de fibra

FACTOR	Desviación Estándar	Factor de Confort	Micronaje	Coefficiente de Variación
Edad (lineal)	***	***	***	***
Edad (cuadrático)	***	***	***	***
Raza	***	***	***	***
Color	***	***	***	***
Sexo	NS	NS	NS	NS
Laboratorio	NS	*	NS	NS
Parte	NS	NS	NS	NS
Raza*Color	***	***	***	***
Raza*Sexo	***	*	NS	***
Color*Sexo	NS	**	NS	***
Sexo*Parte	NS	NS	NS	NS
Raza*Parte	***	***	***	**
Color*Parte	***	NS	NS	NS
Mes	***	***	***	***
Año	NS	NS	NS	***
Mes*Año	***	***	***	***

NS- No significativo; * p<0.05; ** p<0.01; ***p<0.001

Tabla 2. Influencia de factores sistemáticos sobre caracteres de rendimiento en la esquila.

	LongManto	P Manto	P Braga	P Cuello
Edad	***	***	***	***
Edad2	***	***	***	***
Raza	***	***	***	***
Color	***	***	NS	NS
Sexo	*	***	*	NS
Raza*Color	***	***	NS	NS
Raza*Sexo	NS	***	NS	NS
Color*Sexo	*	NS	***	NS
Mes	***	***	***	***
Year	***	***	***	***
Mes*Year	***	***	***	***

NS- No significativo; * p<0.05; ** p<0.01; ***p<0.001

Tabla 3. Influencia de factores sistemáticos sobre caracteres de tipo. Densidad valora el número de folículos por milímetro cuadrado; Rizado mide el número de ondas de fibra por centímetro y su amplitud o altura; Rulo valora la integración de fibras en grupos o bucles bien definidos e independientes entre sí; Cabeza puntúa el tamaño y forma de la cabeza; Cobertura valora presencia o ausencia de lana en cabezas y patas; y Aspecto General valora la proporcionalidad del animal en relación al cuerpo, cuello, patas y cabeza.

	DENSIDAD	RIZADO	CABEZA	CALCE	BALANCE
Edad	NS	NS	NS	NS	NS
Edad2	NS	NS	NS	NS	NS
Raza	NS	NS	*	NS	NS
Color	NS	*	NS	*	NS
Sexo	*	NS	NS	NS	NS
Raza*Color	NS	NS	NS	NS	NS
Raza*Sexo	**	NS	NS	NS	*
Color*Sexo	NS	NS	*	NS	NS
Veterinario	**	NS	NS	NS	NS
Mes*Año	NS	*	NS	NS	NS

NS- No significativo; * p<0.05; ** p<0.01; ***p<0.001

La base de datos de PACOMARCA S.A. resultó de utilidad para analizar la influencia de efectos ambientales. Un análisis paralelo no incluido en este texto mostró también la calidad del registro genealógico sugiriendo que la estimación de parámetros genéticos y la valoración genética de los animales podrían proporcionar resultados prometedores.

2. Análisis genético de seis caracteres productivos en alpacas.

Introducción

El objetivo final del control de rendimientos de Pacamarca es llevar a cabo un programa de selección para calidad de fibra que permita aumentar los beneficios económicos de los ganaderos y de la industria textil. Aunque se requiere conocer parámetros genéticos para diseñar esquemas de selección, no se conocen con precisión las heredabilidades de muchos caracteres productivos y las correlaciones genéticas entre ellos. El objetivo de este trabajo fue estimar estos parámetros genéticos incluyendo los principales caracteres de interés productivo como son el diámetro de fibra (FD), el coeficiente de variación de FD (CV), el peso del vellón (GFW), la longitud de la fibra (SL), el intervalo entre esquilas (SI) y el valor textil (TV).

Material y Métodos

FD se obtuvo de muestras lavadas utilizando un Analizador de Diámetro de Fibra Óptico (OFDA, IWTO-47-95). SL se obtuvo directamente del animal. SI fue obtenido en días como la diferencia entre dos fechas de esquila. TV, objetivo de selección de Pacamarca, se calculó como combinación lineal de los pesos de las distintas calidades del vellón en función del precio en dólares de cada una de las calidades. Así, el peso en Kg de las distintas clases de fibra (Royal, < 20.0 μm ; Baby, 20.1 - 22.5 μm ; SuperFina, 22.6 - 24.0 μm ; Fina, 24.1 - 26.5 μm ; Media, 26.6 - 30.5 μm y Fuerte > 30.5 μm) se ponderaron con su valor monetario. Los pesos económicos de las distintas calidades fueron en US \$: 50 (Royal), 22 (Baby), 15 (SuperFina), 10 (Fina), 4 (Media) y 1 (Fuerte).

El número de individuos con registro productivo fue 2531 para FD y CV, 1821 para GFW, SL y SI, y 1402 para TV. Se clasificaron los animales en tres grupos de color de capa: blanca (65%), crema (20%) y el resto (15%). La genealogía incluía 3328 animales en total. El número total de registros fue 6449 para FD y CV, 3283 para GFW, SL y SI, y 1802 para TV.

El modelo utilizado para estimar parámetros genéticos por metodología REML incluía como efectos fijos el mes-año de registro (41 niveles), la raza-color (6 niveles, los tres colores y razas Suri y Huacaya), sexo (macho o hembra) y edad a la esquila como covariable lineal y cuadrática. Además del efecto genético aditivo, el modelo incluyó también el ambiente permanente como efecto aleatorio adicional. Se utilizó el programa VCE v.5.0 (Neumaier and Groeneveld, 1998).

Resultados y Discusión

En la tabla 4 se muestran las repetibilidades, heredabilidades y correlaciones genéticas con sus correspondientes errores estándar para los seis caracteres analizados. Todos los valores de heredabilidad fueron significativos de valor variable entre bajos y moderados (de 0.061 para SI a 0.412 para FD). Sólo la correlación genética entre FD y TV puede

considerarse de valor relevante (-0.75). Los valores presentados aquí coinciden con los obtenidos por Safari et al. (2005) en ovejas especializadas en producción de lana aunque las heredabilidades son algo más bajas. En cualquier caso, la baja correlación entre FD y CV y entre FD y GFW nos resalta la posibilidad de seleccionar conjuntamente para reducir FD y CV.

Tabla 4. Repetibilidades (R), heredabilidades (en la diagonal) y correlaciones genéticas (sobre la diagonal) con sus correspondientes errores estándar (entre paréntesis) para los seis caracteres analizados. Los valores significativos están en negrita.

	R	FD	CV	GFW	SL	SI	TV
Diámetro de Fibra (en μm ; FD)	0.578	0.412 (0.015)	0.032 (0.034)	0.116 (0.060)	0.102 (0.073)	-0.395 (0.078)	-0.746 (0.049)
Coefficiente de variación de FD (en %; CV)	0.579		0.321 (0.013)	0.405 (0.081)	0.177 (0.081)	0.015 (0.078)	0.125 (0.061)
Peso del vellón (en kg; GFW)	0.316			0.098 (0.016)	-0.034 (0.129)	-0.132 (0.151)	0.490 (0.070)
Longitud de Mecha (en cm; SL)	0.090				0.070 (0.011)	0.397 (0.099)	-0.042 (0.104)
Intervalo entre esquilas (en días; SI)	0.069					0.061 (0.012)	0.177 (0.113)
Valor Textil (en US\$; TV)	0.299						0.163 (0.017)

Aunque FD ha sido tradicionalmente uno de los caracteres de mayor importancia económica en el mundo de la lana/fibra, los productores, y más aún la industria textil, pone gran atención en índices objetivos como criterio de selección. En concreto PACOMARCA S.A. basa su selección en TV como principal criterio de selección. Los parámetros obtenidos aquí muestran las ventajas de seleccionar utilizando como criterio FD. La respuesta a la selección en TV, cuando se usa el propio TV como criterio de selección se puede obtener de $R = ih^2\sigma_p$ (Falconer and McKay, 1996), siendo σ_p la varianza fenotípica e i la intensidad de selección. Sustituyendo h^2 and σ_p por los valores obtenidos aquí se obtiene $R = 2,039i$. La respuesta correlacionada en TV si se selecciona por FD se puede obtener a partir de $CR_y = ih_x h_y r_A \sigma_{py}$, siendo r_A la correlación genética entre ambos caracteres. Sustituyendo en la expresión los valores obtenidos aquí se obtiene $CR_y = 2,414i$. Así pues, aunque el objetivo de selección sea TV, es más eficiente la selección que utiliza como criterio de selección el carácter FD. Además de la reducción en el diámetro de la fibra, es interesante también reducir su variabilidad. Normalmente existe un efecto de escala de manera que valores más altos del carácter se acompañan de valores más altos de su varianza. Así, sería útil disponer de una medida de variabilidad que fuera independiente del valor del carácter. Tal medida es CV, cuya correlación genética con el propio carácter FD es afortunadamente inexistente, de manera que se puede seleccionar independientemente si así se deseara.

3. Parámetros genéticos y relación entre caracteres de fibra y caracteres de tipo en alpacas.

Introducción

El objetivo final de un control de rendimientos en alpacas es establecer un programa de selección para mejorar la calidad de la fibra, utilizando medidas objetivas como criterio de selección. Sin embargo, en condiciones donde el análisis de la fibra resulta difícil, un primer paso podría basarse en medidas subjetivas de los animales. La toma de datos podría hacerse por parte de expertos clasificadores. Por otro lado, los caracteres

subjetivos podrían considerarse en sí mismos como caracteres objetivo de selección. El objetivo de este trabajo fue estimar parámetros genéticos asociados con caracteres de tipo y sus relaciones con caracteres de calidad de fibra.

Material y Métodos

Se realizaron análisis independientes para las dos razas de la ganadería de PACOMARCA S.A., Suri (SU) y Huacayo (HU). Asimismo, los caracteres analizados pertenecían a dos subconjuntos de datos: a) los relacionados con diámetro de fibra y su variabilidad y b) caracteres morfológicos subjetivos. El primer grupo contenía el diámetro de fibra (en μm ; FD), coeficiente de variación de FD (CV), factor de confort (CF) y desviación estándar de FD (SD). Los resultados presentados aquí fueron obtenidos con la nueva base de datos. El segundo grupo de caracteres incluía Densidad (DE), que valora el número de folículos por milímetro cuadrado, y que se obtiene por presión manual sobre el hombro del animal, Rizado (CR), solo en HU, el número de ondas de fibra por centímetro y su amplitud o altura; Rulo (LS), solo en SU, la integración de fibras en grupos o bucles bien definidos e independientes entre sí; Cabeza (HE) tamaño y forma de la cabeza; Cobertura (CO), presencia o ausencia de lana en cabezas y patas, y Aspecto General (BA), con especial atención a la proporcionalidad del animal en relación al cuerpo, cuello, patas y cabeza. Los caracteres fueron registrados por un único calificador como distancia desde el óptimo para cada carácter, en una escala de deseabilidad desde pobre (1) hasta excelente (5). Los animales de raza HU se clasificaron como blancos (69%), o no (31%), y no se hicieron distinciones en la raza SU. El registro genealógico incluía 3055 HU y 900 SU animales. El número total de registros disponibles en HU fue 5409 para el primer grupo de caracteres y 2194 para el segundo, siendo estos valores, respectivamente, de 1532 y 650 para la raza SU.

El modelo utilizado para estimar parámetros genéticos por metodología REML incluía como efectos fijos el mes-año de registro (33 niveles), color (2 niveles sólo en HU), sexo (macho o hembra) y edad a la esquila como covariable lineal y cuadrática. Además del efecto genético aditivo, el modelo incluyó también el ambiente permanente como efecto aleatorio adicional en el primer grupo de datos. Se utilizó el programa VCE v.5.0 (Neumaier and Groeneveld, 1998).

Resultados y Discusión

En la figura 1 se muestra la distribución de las calificaciones de los caracteres morfológicos en las razas Suri y Huacaya. La distribución normal de las puntuaciones permite confiar en la forma en que se recogen los datos.

Las heredabilidades y correlaciones genéticas para todos los caracteres analizados en las razas HU y SU se muestran en la Tabla 5. Todas las heredabilidades para los caracteres de fibra fueron de moderadas a altas, más en SU (de 0,565 a 0,699) que en HU (de 0,255 a 0,417). A la vista de estos resultados, es posible pensar en la existencia de genes mayores segregando para estos caracteres de fibra, al menos en la raza SU.

Para los caracteres de tipo, las heredabilidades tendieron a ser inferiores. Las correlaciones genéticas entre ambos grupos de caracteres fueron mayores en HU que en SU.

Las correlaciones genéticas entre caracteres de fibra fueron similares en ambas razas a pesar de ser obtenidas en bases de datos completamente independientes. Entre ellas, la encontrada entre FD y CF (-0,968 en HU y -0,975 en SU) sugiere que ambos son prácticamente el mismo carácter. Las correlaciones genéticas entre CF y los caracteres que miden la variabilidad fueron negativas pero no tan altas, mostrando que CF tiene más que ver con la finura de la fibra que con su variabilidad. Es más, la correlación genética FD-SD fue muy baja mostrando que si se elimina el efecto de escala, la finura de la fibra y su variabilidad podrían considerarse caracteres genéticamente independientes.

Figura 1. Distribución de las calificaciones de los caracteres morfológicos en las razas Suri y Huacaya.

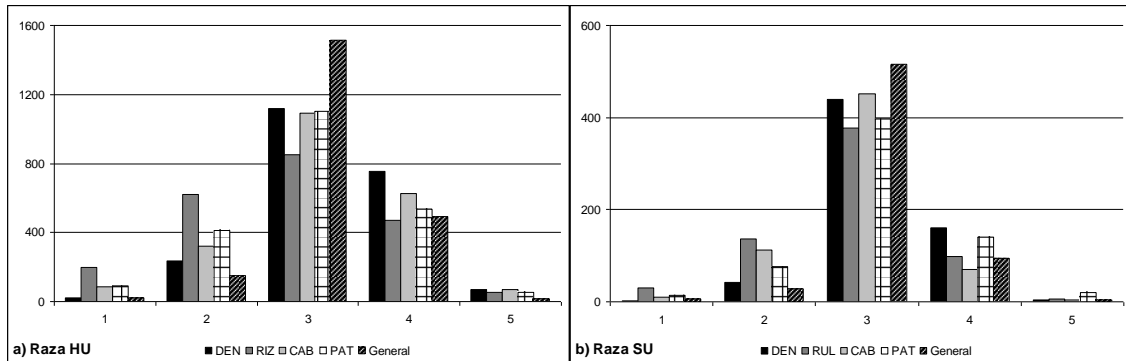


Tabla 5. Heredabilidades (en la diagonal), y correlaciones genéticas (por encima de la diagonal) para los caracteres de fibra y subjetivos en las razas Hu y SU.

HU	FD	SD	CF	CV	DE	CR	HE	LI	BA
FD	0,369	0,719	-0,968	0,094	-0,079	-0,300	-0,279	0,028	-0,134
SD		0,417	-0,790	0,751	-0,257	-0,520	-0,123	0,110	-0,063
CF			0,255	-0,219	0,108	0,332	0,236	-0,077	0,102
CV				0,380	-0,296	-0,477	0,105	0,148	0,059
DE					0,236	0,725	0,209	-0,145	0,214
CR						0,420	0,330	0,086	0,367
HE							0,425	0,765	0,921
LI								0,475	0,826
BA									0,148
SU	FD	SD	CF	CV	DE	LS	HE	LI	BA
FD	0,699	0,750	-0,975	0,087	0,284	-0,193	-0,036	0,166	0,034
SD		0,684	-0,759	0,719	0,141	-0,154	-0,010	0,131	-0,020
CF			0,565	-0,138	-0,334	0,224	0,016	-0,186	-0,049
CV				0,605	-0,056	-0,018	0,038	0,039	-0,052
DE					0,268	0,433	0,719	0,790	0,579
LS						0,222	0,637	0,417	0,682
HE							0,173	0,785	0,941
LI								0,272	0,730
BA									0,256

Las heredabilidades obtenidas para los caracteres de tipo fueron en general moderadas a altas en HU y moderadas a bajas en SU. Al contrario que en los caracteres relacionados con la fibra, los patrones de las correlaciones genéticas fueron muy diferentes entre razas, mostrando que el calificador busca caracteres diferentes en cada una de ellas. En SU parece que los caracteres de tipo se utilizan para valorar el estándar racial del animal, mientras que en HU parece que se utilizan para valorar el rendimiento del animal en calidad de fibra, particularmente el carácter CR.

Se estimaron las correlaciones entre caracteres de fibra y caracteres de tipo para evaluar la capacidad de estos últimos para seleccionar de forma indirecta los primeros. Los valores obtenidos fueron más bien bajos. Llamativamente, el carácter más útil sería CR en HU, pero nunca DE, carácter pensado inicialmente para este fin. No parece recomendable sustituir el rendimiento en calidad de fibra por los caracteres de tipo como indicadores de los primeros. Debería prestarse entonces especial interés en extender el control de rendimientos en relación al primer grupo de caracteres. Sin embargo, si los caracteres de tipo son objetivo de selección en sí mismos, las heredabilidades obtenidas muestran que puede esperarse una respuesta razonable a la selección.

4. Genes mayores afectando el rendimiento de caracteres de fibra en alpacas.

Introducción

Los parámetros genéticos estimados para caracteres de calidad de fibra en la ganadería de PACOMARCA S.A. proporcionaron valores de heredabilidad entre moderados y altos, lo que sugería la existencia de genes mayores segregando para caracteres de fibra. La identificación de estos genes mayores sería de gran interés dado que su monitorización provocaría una rápida mejora dado que hasta la fecha no ha sido posible organizar un control de rendimientos generalizado. El objetivo de este trabajo fue determinar si existía un gen mayor segregando para cuatro caracteres de calidad de fibra en las razas de alpaca HU y SU.

Material y métodos

Los caracteres analizados en este estudio fueron el diámetro de fibra en μm (FD), la desviación estándar del FD (SD), el coeficiente de variación de FD (CV) y el factor de confort (CF). Se utilizaron los datos de producción y el pedigrí hasta agosto de 2009 en la raza Suri (SU) y Huacaya (HU), proporcionados por PACOMARCA, S.A. Para realizar este estudio se han considerado dos bases de datos independientes, con 1906 registros de SU y 6592 de HU. El pedigrí de la raza SU incluyó 1119 animales y el de la raza HU 3468 animales.

Se utilizaron modelos poligénicos y de herencia mixta para comparar los resultados sin y con el efecto del gen mayor. El modelo poligénico incluía como efectos fijos el grupo de comparación mes-año de recogida del dato (26 niveles en la raza SU y 36 niveles en la raza HU), color (3 niveles en ambas razas), sexo (macho, hembra) y la edad como covariable lineal y cuadrática. El modelo incluyó también el efecto ambiental permanente como efecto aleatorio. El modelo de herencia mixta asumió la existencia de un único gen de efecto mayor con sólo dos alelos posibles. El modelo consistió en añadir al modelo poligénico el efecto del gen mayor como un efecto fijo con los valores $(-a, d, +a)$ correspondientes respectivamente a las tres categorías de genotipos (A_1A_1 , A_1A_2/A_2A_1 y A_2A_2) ponderados por la probabilidad de presentar cada uno de ellos. Tanto los valores de aditividad (a) y dominancia (d), como estas probabilidades eran incógnitas del modelo de herencia mixta que se estimaron en el análisis de segregación. En todos los análisis se empleó el algoritmo MCMC con muestreo de Gibbs utilizando el programa MaGGic 4.0. La heredabilidad del componente poligénico fue estimada como el cociente entre la varianza poligénica y la varianza total, tanto para el modelo poligénico como para el modelo de herencia mixta. La heredabilidad teniendo en cuenta la varianza poligénica y la del gen mayor se calculó como el cociente entre las sumas

de las varianzas poligénica y del gen mayor, y la varianza total. La varianza del gen mayor se obtuvo de $\sigma_m^2 = 2pq[a + d(q - p)]^2 + (2pqd)^2$, siendo p la frecuencia alélica de uno de los alelos del gen mayor.

En la Tabla 6 se muestran los resultados del análisis de segregación para las dos razas. Se obtuvo un efecto de dominancia en todos los genes mayores detectados asociados a menores valores de diámetro de fibra y valores altos de confort.

Resultados y Discusión

Tabla 6. Medias posteriores e intervalos de confianza (95%) de los parámetros obtenidos a partir del modelo de herencia mixta para la raza Huacaya.

Raza HU	FD ¹	SD	CV	CF
$\sigma_{e^*}^2$	4,50 [4,32/4,69]	0,50 [0,48/0,52]	6,54 [6,26/6,82]	87,63 [84,22/90,99]
$\sigma_{polyg^*}^2$	1,71 [1,17/2,31]	0,16 [0,10/0,21]	0,72 [0,26/1,24]	15,51 [10,99/20,04]
$\sigma_{perm^*}^2$	0,96 [0,61/1,30]	0,10 [0,06/0,13]	1,08 [0,68/1,47]	4,38 [0,19/8,01]
σ_m^2	7,86 [5,55/10,43]	1,28 [1,00/1,58]	5,50 [4,02/6,99]	194,14 [169,46/220,74]
$h_{polyg^*}^2$	0,24 [0,17/0,31]	0,21 [0,15/0,27]	0,09 [0,03/0,14]	0,14 [0,10/0,18]
h_m^2	0,63 [0,57/0,70]	0,71 [0,66/0,75]	0,45 [0,38/0,52]	0,69 [0,67/0,72]
a	4,18 [3,11/5,23]	1,67 [1,46/1,87]	3,32 [2,84/3,81]	15,03 [13,85/16,23]
d	-1,98 [-2,60/-1,34]	-0,88 [-1,02/-0,72]	-1,37 [-1,87/-0,87]	13,00 [11,41/14,69]
p	0,85 [0,77/0,91]	0,86 [0,83/0,90]	0,81 [0,75/0,87]	0,24 [0,19/0,28]
Raza SU	FD ¹	SD	CV	CF
$\sigma_{e^*}^2$	4,48 [4,13/4,84]	0,67 [0,62/0,72]	8,86 [8,18/9,55]	99,66 [92,30/107,31]
$\sigma_{polyg^*}^2$	2,29 [1,11/3,54]	0,33 [0,17/0,50]	1,05 [0,00/2,23]	17,02 [5,46/28,63]
$\sigma_{perm^*}^2$	1,27 [0,54/2,00]	0,11 [0,02/0,20]	0,89 [0,00/1,66]	16,67 [6,17/27,22]
σ_m^2	10,54 [7,13/14,16]	1,97 [1,55/2,39]	9,72 [6,55/13,17]	182,22 [143,66/220,63]
$h_{polyg^*}^2$	0,28 [0,16/0,41]	0,30 [0,17/0,42]	0,10 [0,00/0,20]	0,13 [0,04/0,21]
h_m^2	0,69 [0,61/0,76]	0,75 [0,70/0,79]	0,52 [0,43/0,62]	0,63 [0,57/0,69]
a	4,23 [3,45/5,03]	1,61 [1,36/1,85]	3,76 [3,02/4,50]	14,90 [13,09/16,71]
d	-2,03 [-2,81/-1,29]	-1,11 [-1,38/-0,84]	-2,17 [-3,10/-1,34]	11,80 [9,63/14,02]
p	0,77 [0,66/0,84]	0,70 [0,63/0,77]	0,70 [0,61/0,79]	0,36 [0,29/0,42]

¹FD: Diámetro de fibra; SD: Desviación estándar del FD; CV: Coeficiente de variación del FD; CF: Factor de confort

² $\sigma_{e^*}^2$: Varianza residual; $\sigma_{polyg^*}^2$: Varianza del efecto poligénico; $\sigma_{perm^*}^2$: Varianza del efecto ambiental permanente; σ_m^2 :

Varianza del gen mayor; $h_{polyg^*}^2$: Heredabilidad para la varianza poligénica; h_m^2 : Heredabilidad para las varianzas poligénicas y del gen mayor; a : Efecto aditivo; d : Efecto de dominancia; p : Frecuencia alélica del gen mayor

Diámetro de fibra (FD). La varianza del gen mayor fue casi 5 veces la varianza poligénica para las dos razas y explicó el 52% y el 57% de la varianza total en HU y SU, respectivamente. El efecto aditivo del gen mayor fue de 4,18 μm y la dominancia fue de -1,98 μm para la raza HU, mientras que para la SU el efecto aditivo fue 4,23 μm y la dominancia -2,03 μm . Según las frecuencias presentadas en las tablas, asumiendo equilibrio de Hardy-Weinberg, el 72% de los animales de HU y el 59% de los SU pueden ser considerados candidatos a reproductores en un programa de selección de homocigotos.

Desviación estándar (SD). La varianza poligénica fue inferior a la del gen mayor (que explicó un 64% de la varianza total) y se confirma la presencia de un gen mayor segregando en ambas razas. El efecto aditivo encontrado fue 1,67 μm y 1,61 μm , con un efecto dominante de -0,88 μm y -1,11 μm , en las razas HU y SU, respectivamente. Las frecuencias alélicas del gen para estas razas fueron 0,86 y 0,70, con un efecto de sustitución de -2,3 μm y -2,1 μm , respectivamente.

Coefficiente de variación (CV). La magnitud de la varianza del gen mayor y el intervalo de confianza revelan que existe un gen mayor segregando para este carácter en ambas razas. Sin embargo, las varianzas del efecto ambiental permanente y poligénico en la raza SU no resultaron significativas. Aunque aparentemente toda la varianza genética se debe al gen mayor lo más probable es que al ser un carácter compuesto, la mayor parte de la variabilidad recaiga en el residuo.

Factor de confort (CF). La varianza del gen mayor fue mucho mayor que la poligénica. El efecto aditivo fue de 15,03% para la raza HU y de 14,90% para la SU. Los efectos de dominancia para estas razas fueron 0,24 y 0,36, respectivamente. Para CF el efecto fue mayor en la raza HU (21,9%) que en la SU (18,3%).

En todos los caracteres el ratio entre la varianza poligénica del modelo poligénico y la del modelo de herencia mixta fue inferior al 50%, y la varianza del gen mayor fue mayor que la varianza poligénica. Por tanto, la heredabilidad obtenida considerando el gen mayor y el efecto poligénico fue siempre mayor que la obtenida a partir del modelo poligénico.

En resumen, se han encontrado evidencias estadísticas de la existencia de genes mayores segregando para los cuatro caracteres relacionados con el diámetro fibra estudiados en las dos razas Huacaya y Suri. Teniendo en cuenta las correlaciones genéticas obtenidas en un trabajo anterior, parece que estarían implicados dos genes mayores: uno que afectaría a la variabilidad del diámetro de fibra (SD y CV); y otro afectando al diámetro de fibra, que ocasiona fuertes correlaciones antagonistas entre FD y CF, y que explicaría la relación existente entre la fibra fina y la suavidad. Un animal con un diámetro de fibra medio 8 μm más fino que otro o con un factor de confort un 30% superior podría aumentar el valor del vellón, por ejemplo, entre 22 y 50 veces de acuerdo al sistema de pago de PACOMARCA S.A. La identificación molecular y el seguimiento de los animales portadores de genes favorables en toda la población mundial de alpacas darían lugar a una respuesta genética más rápida.

5. Parámetros genéticos para crecimiento del diámetro de fibra en alpacas..

Introducción

El diámetro de fibra es hoy en día el principal objetivo de selección en alpacas. Sin embargo, la fibra engrosa con la edad de los animales. Podría ser preferible un animal con un diámetro de fibra no tan fino, siempre que no engrosase con la edad. Un problema es que la modelización del engrosamiento del diámetro de fibra no resulta obvia. Los métodos que se emplean actualmente para trabajar con la variabilidad ambiental de caracteres, normalmente con el objetivo de disminuirla (canalización), podrían ser una opción. La modelización de funciones de producción utilizadas normalmente en caracteres de crecimiento podría ser otra. El objetivo de este trabajo fue la estimación de parámetros genéticos relacionados con la variabilidad del diámetro de la fibra, comparando las conclusiones obtenidas cuando se aplican ambas metodologías.

Material y métodos

El carácter analizado en este estudio fue el diámetro de fibra en μm (FD). Se utilizaron los datos de producción y el pedigrí hasta agosto de 2009 en la raza Huacaya (HU), proporcionados por PACOMARCA, S.A. Para realizar este estudio se han considerado 6808 registros incluyendo el pedigrí hasta 3468 animales.

El primer análisis consistió en la aplicación del modelo desarrollado por SanCristobal-Gaudy y col., (1998) en el que se asume que la varianza ambiental es heterogénea y parcialmente bajo control genético:

$$y_i = \mathbf{x}_i' \mathbf{b} + \mathbf{z}_i' \mathbf{u} + \mathbf{w}_i' \mathbf{c} + e^{\frac{1}{2}(\mathbf{x}_i' \mathbf{b}^* + \mathbf{z}_i' \mathbf{u}^* + \mathbf{w}_i' \mathbf{c}^*)} \varepsilon_i$$

siendo y_i el diámetro de fibra. El asterisco (*) identifica los parámetros asociados con la variabilidad ambiental, \mathbf{b} y \mathbf{b}^* son los vectores asociados con los efectos sistemáticos, \mathbf{u} y \mathbf{u}^* los vectores asociados con el efecto genético directo y \mathbf{c} y \mathbf{c}^* los vectores asociados con el segundo efecto aleatorio, el efecto ambiental permanente. \mathbf{x}_i , \mathbf{z}_i y \mathbf{w}_i son los vectores de incidencia para los efectos sistemáticos, que son esencialmente los mismos que en el trabajo precedente, el efecto animal, y el segundo efecto aleatorio respectivamente. Para los vectores \mathbf{u} y \mathbf{u}^* se asumen distribuciones normales con:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{u} \\ \mathbf{u}^* \end{pmatrix} | \sigma_u^2, \sigma_{u^*}^2, \mathbf{A}, \rho \sim N \left(\begin{pmatrix} 0 \\ 0 \end{pmatrix}, \begin{pmatrix} \sigma_u^2 & \rho \sigma_u \sigma_{u^*} \\ \rho \sigma_u \sigma_{u^*} & \sigma_{u^*}^2 \end{pmatrix} \otimes \mathbf{A} \right)$$

donde \mathbf{A} es la matriz de relaciones genéticas aditivas, y el resto se corresponde a la notación habitual en modelos lineales utilizados en mejora genética. Mención especial merece ρ , correlación genética entre el carácter y su variabilidad.

El segundo análisis se basa en la modelización del crecimiento del grosor de la fibra mediante una sencilla regresión lineal en la que el interés se centra sobre los parámetros que definen dicha regresión. La ecuación $y = a + cx + f + e$ representa el diámetro de fibra medido (y) en función del diámetro de fibra al nacimiento (a) y la pendiente que define el crecimiento (c) para una edad x . El modelo incluye también el ajuste del efecto sistemático mes-año de registro. A su vez a y c son modelizados de forma jerarquizada para tener en cuenta el resto de efectos sistemáticos, el sexo (2 niveles) y el color (4 niveles).

La resolución de ambos análisis fue con programas basados en metodología Bayesiana. En concreto el primer análisis se llevo a cabo con el programa GSEVM v2.0, mientras que el segundo se llevó a cabo con un programa propio.

Resultados y Discusión

Tabla 7. Medias posteriores de los parámetros obtenidos a partir del modelo inicial y el modificado para variabilidad ambiental en la raza Huacaya.

	Modelo inicial	Modelo variabilidad (media)	Modelo variabilidad (variabilidad)
σ_u^2	3,3144	2,1699	0,1709
σ_{ep}^2	1,2093	1,5319	0,0949
σ_e^2	4,4972	Heterogénea	
ρ		$\rho = 0,9676$	

Los valores obtenidos para las varianzas del modelo inicial y el empleado para trabajar con variabilidad ambiental se presentan en la Tabla 7. Ya que en este segundo modelo no es posible definir un valor de heredabilidad del carácter, las conclusiones deben obtenerse a partir del valor de los parámetros genéticos, los cuales fueron similares en ambos modelos cuando se trata del propio carácter FD. Por otro lado la varianza genética para la variabilidad ambiental, de forma similar a lo que ocurre con el carácter, representa el doble de la otra componente de varianza, la correspondiente al efecto ambiental permanente. Por tanto, sería esperable una respuesta adecuada si se selecciona para este carácter. Sin embargo, la correlación genética entre FD y su variabilidad resultó ser de 0,97, por lo que parece que bastaría seleccionar para disminuir el FD si se desea obtener una respuesta similar en su variabilidad.

La varianza residual \pm desviación estándar del modelo principal resultó ser $5,095 \pm 0,1131$, siendo las correlaciones genética y residual entre a y c de 0.903 ± 0.100 y 0.849 ± 0.124 respectivamente. Los parámetros genéticos de los modelos jerarquizados para a y c se presentan en la tabla 8.

Tabla 8. Parámetros genéticos y desviación estándar del diámetro de la fibra al nacimiento (a) y su crecimiento posterior (c)

	Diámetro de fibra al nacimiento (a)		Crecimiento lineal (c)	
	Mean	SD	Mean	SD
σ_u^2	1.242	0.142	0.050	0.101
σ_e^2	0.123	0.059	0.139	0.002

La alta correlación genética encontrada entre ambos parámetros sugiere nuevamente que la selección orientada a reducir FD conllevará una respuesta adecuada en la reducción de su variabilidad.

Bibliografía

Cervantes, I., Pérez-Cabal, M.A., Morante, R., Burgos, A., Salgado, C., Nieto, B., Goyache, F., Gutiérrez, J.P., 2010. Genetic parameters and relationships between fibre and type traits in two breeds of Peruvian alpacas. *Small Ruminant Research*, 88: 6-11. (y bibliografía citada)

Gutiérrez, J.P., Goyache, F., Burgos, A., Cervantes, I., 2009. Genetic analysis of six production traits in Peruvian alpacas. *Livestock Science*, 123 : 193-197. (y bibliografía citada)

SAS/STAT, 1999. User's Guide, Release 8.2. SAS Institute Inc., 1999, Cary, NC, USA.

Varona, L., Moreno, C., García-Cortés, L.A., Altarriba, J., 1997. Multiple trait genetic analysis of underlying biological variables of production functions. *Livestock Production Science*, 47: 201-209.