

GM 1 Análisis de diversidad genética en la raza Hereford de Argentina

Arroyo P^{1,2*}, Corva PM³, Pardo AM^{1,3}

¹INTA E.E.A. Balcarce; ²Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLP. 60 y 118 s/n, CP 1900, La Plata; ³ Facultad de Ciencias Agrarias, UNMDP. Unidad Balcarce CC276, 7620 Balcarce

*E-mail: arroyo.paula@inta.gob.ar

Genetic diversity analysis in Argentine Hereford

Introducción

Comprender y monitorear la estructura de una población es crucial para su caracterización y la prevención de la pérdida de diversidad genética en contextos de selección. La estructura y variabilidad genética poblacional de la raza Hereford, muy relevante para la producción de carne en Argentina, aún no ha sido caracterizada rigurosamente. Por lo tanto, el objetivo fue analizar la estructura poblacional de la raza estimando parámetros de diversidad genética, tales como coeficiente de consanguinidad, tamaño efectivo de la población y número de fundadores equivalentes, entre otros.

Materiales y Métodos

Se analizaron los registros genealógicos provistos por la Asociación Argentina de Criadores de Hereford. El pedigree de la raza contaba con 737.822 animales (12.018 padres y 203.005 madres), nacidos desde 1935 hasta 2023. Sin embargo para las estimaciones de este estudio se constituyó un grupo de referencia (GR) de 23.938 animales que reunió los siguientes requisitos:

- ambos progenitores conocidos,
- origen argentino,
- nacidos entre los años 2018 y 2022,
- hembras y machos Puros de Pedigree (PP) o Puros Registrados (PR) y machos PR con control de producción sobresaliente (S/).

El pedigree del GR quedó conformado por 56.149 animales, sobre los que se calcularon los coeficientes de consanguinidad y sus contribuciones al promedio del GR. Además, se calculó el tamaño efectivo ($Ne = 1/(2\Delta F)$)

Se calcularon las contribuciones a la endogamia de los ancestros comunes nodales.

La estimación de la consanguinidad del GR y su descomposición en componentes ancestrales (contribución) se realizó con el programa CFC 1.0 (Sargolzaei et al, 2005) y las demás estimaciones con Relax2 1.65 (Strandén et al, 2006).

Resultados y Discusión

El número total de fundadores fue 96.743, mientras que en la población de referencia fue menor (6.919). El número máximo de generaciones fue 20. Los principales resultados se presentan en la Tabla 1.

La consanguinidad en esta población es menor a la reportada para la de Hereford Americana (Cleveland et al, 2005) evidenciando la mayor diversidad de la población local respecto a la estructura poblacional de su contraparte estadounidense hasta el año 2001. Por otra parte, se hallaron parámetros poblacionales similares en la raza Hereford de Brasil, siendo esta última ligeramente menos diversa que la de Argentina (Piccoli et al, 2014).

Tabla 1. Parámetros estimados de diversidad genética para la población de referencia

Parámetro	Estimación
Tamaño Efectivo (Ne)	104,48
Consanguinidad promedio	0,02
Consanguinidad promedio (Animales consanguíneos)	0,03
Coancestría	0,01
N° medio de generaciones discretas equivalentes	5,63
Máximo n° de generaciones discretas equivalentes	10,17
Fundadores equivalentes (fe)	228,35
Equivalente del genoma de los fundadores (fge)	48,81
Número efectivo de ancestros (fa)	72,07

Se destaca que cerca del 50% de la contribución a la consanguinidad la hacen 29 toros (27 PP y 2S/) mayoritariamente argentinos y 2 vacas (PP). Si analizamos el conjunto de animales que contribuyen a la consanguinidad, se observa que el 87% son machos y el 13% son hembras. En relación con los países que han influido a la consanguinidad del grupo: Argentina (81,7%), USA (15,7%) y Canadá (2,7%), han sido los principales.

Las diferencias entre el número efectivo de ancestros (fa), el número de fundadores equivalentes (fe) y el equivalente del genoma fundador (fge) indica contribuciones desbalanceadas. El fge es significativamente más bajo que el fe, lo que sugiere una pérdida de variabilidad genética debido a factores como la consanguinidad, la selección, o la deriva genética.

Respecto al tamaño efectivo de la población (104,48. Tabla 1), no es aún crítico para la conservación de la variabilidad genética de la población.

Conclusión

Los resultados obtenidos indican que la población de Hereford en Argentina mantiene una diversidad genética esperable en una población bajo selección. Se resalta la importancia de continuar monitoreando la estructura poblacional de la raza.

Agradecimientos

A la Asociación Argentina de Criadores de Hereford por proveer toda la información de base para el presente análisis.

Bibliografía

- Cleveland MA *et al.* (2005) *J. Anim. Sci.* 83(5), 992-1001
 Piccoli ML *et al.* (2014) *J. Anim. Sci.* 92(5), 1920-1930.
 Sargolzaei M *et al.* (2005) *J Anim Breed Genet* 122, 325–331.
 Strandén I *et al.* (2006). Relax2: pedigree analysis programme.

GM 2 Interacción genotipo ambiente, evidencia en sistemas de producción lechera en Argentina

Maizon DO^{1,5*}, Raschia MA^{2,6}, Rubio N³, Casanova D^{3,4}, Poli MA^{2,7}

¹INTA, EEA Anguil, La Pampa; ²INTA, Instituto de Genética, Buenos Aires; ³PROANVET, Dpto. Producción Animal, FCV-UNCPBA, Buenos Aires; ⁴Asociación Criadores de Holando Argentina, CABA; ⁵UNLPam, Fac. Agronomía, La Pampa; ⁶UNLP, Fac. Cs. Médicas, Buenos Aires; ⁷USAL, Fac. Cs. Agrarias y Veterinarias, Buenos Aires; Argentina.

*E-mail: maizon.daniel@inta.gov.ar

Genotype by environment interaction, evidence in dairy cattle production systems in Argentina.

Introducción

La interacción genotipo ambiente (IGE) es la expresión diferencial de un genotipo en distintos ambientes. Una dificultad, asociada a este concepto, es la definición de ambiente, ya que, muchas veces, no considera la agroecología del sistema de producción. A nivel nacional, en producción lechera esto último es crítico pues el 80% del semen comercializado para inseminación artificial (IA) es importado. A su vez, en la promoción de este semen se emplean las estimaciones de los valores de cría (que a nivel nacional llamamos "habilidad de transmisión predicha", HTP) realizadas en el país de origen del toro sin ningún ajuste. Justamente, el servicio internacional de evaluación genética (EG) de toros (INTERBULL) provee las estimaciones de las HTP ajustadas a distintos ambientes.

Una forma de evidenciar la existencia de IGE es comparar el orden de mérito de las HTP de toros empleados en distintos ambientes. Por lo cual, el objetivo del presente trabajo fue estimar correlaciones de Spearman entre las HTP de toros lecheros estimados en USA y los HTP obtenidas para esos toros bajo el control lechero oficial en Argentina en diferentes estratos de producción de leche.

Materiales y Métodos

Se contó, por un lado, con las HTP acumuladas a 305 días para leche, grasa y proteína de 1.567 toros, provistas por el CDCB (Council on Dairy Cattle Breeding). Un 76% fueron EG genómicas y, el resto, EG basadas en controles lecheros y genealogía. Por otra parte, se contó con una base de datos, provista por ACHA, con 945.474 lactancias, con producción acumulada a 305 días para leche, grasa y proteína de 536.695 vacas hijas 8.468 toros. Además, ACHA facilitó un archivo de genealogía con 1.045.780 individuos entre padres y madres de las vacas que produjeron las lactancias. La información nacional se estratificó en tres grupos en función de la producción de leche promedio por tambo, año y estación de parto (TAEP). Estos estratos fueron Alto: más de 8.500 l promedio, Medio: entre 6.650 y 8.499 l y Bajo: menos de 6.650 l. Con la información estratificada, y empleando un modelo de caracteres múltiples con observaciones repetidas, se estimaron componentes de covarianza y las HTP para leche, grasa y proteína. El modelo empleado, igual para los tres estratos, ajustó por efectos fijos clasificatorios: TAEP; mes de parto; número de lactancia (NL, se incluyó de 1ro al 5to) y como regresora: edad de la madre dentro de NL. Como efectos aleatorios, el efecto permanente de lactancia y el componente genético aditivo. Se empleó la familia de programas BLUPF90 (Misztal *et al.* 2016) para realizar las estimaciones mediante muestreo de Gibbs. Se realizaron 10.000 iteraciones, se descartaron las primeras 2.000 y se trabajó con un valor cada 20 iteraciones para realizar las estimaciones de las distribuciones posteriores. Finalmente, se trabajó con el programa estadístico R (Core Team 2021) para estimar las

correlaciones de Spearman entre las HTP estimadas para cada estrato y las facilitadas por el CDCB para leche, grasa y proteína acumuladas a 305 d. Se realizaron estimaciones para todos los toros evaluados y para toros con más de 20 y más de 30 hijas por estrato.

Resultados y Discusión

En Tabla 1, se observan las correlaciones de Spearman estimadas entre las HTP facilitadas por CDCB y las estimadas para el presente trabajo con información de los controles lecheros oficiales (CLO) y de genealogía, y la cantidad de toros que hubo con hijas en cada estrato (promedios de hijas 88, 131 y 55 en estratos alto, medio y bajo). Se puede observar que el estrato Alto tiene estimación de correlación igual a la obtenida por Torsell *et al.* (2007) para leche. Sin embargo, para los otros estratos, que representan un 75% del total de las vacas en CLO, se observó una marcada disminución de las correlaciones. Esto indica un evidente reordenamiento de las HTP, entre lo que se estimó para estos toros en USA y, a través de los CLO de sus hijas, en Argentina. Cuando se estimó correlaciones de Spearman con más de 20 y más de 30 hijas, tanto los valores como las tendencias a disminuir para los estratos de menor producción fueron similares a los de la Tabla 1. Estos resultados evidencian la existencia de IGE, y revelan la necesidad de contar con una evaluación genética nacional para poder ajustar y hacer más útiles las HTP al productor Argentino.

Tabla 1. Correlaciones de Spearman entre HTP obtenidas en USA y las estimadas en Argentina para leche, grasa y proteína, acumuladas en 305 días en tres estratos de producción.

Correlaciones de Spearman				
Estratos	Leche	Grasa	Proteína	Toros
Alto	0.65	0.63	0.66	1423
Medio	0.57	0.61	0.55	1478
Bajo	0.44	0.38	0.34	1290

Conclusiones

El orden de mérito de toros realizado con en las HTP estimadas en base a información genómica, de CL y genealogía en USA, tiene una correlación media a baja con el orden de mérito según de las HTP estimadas a nivel nacional para tres estratos de producción de leche.

Agradecimientos

A ACHA por proveer la información analizada y al CDCB por proveer las HTP empleadas. El financiamiento de INTA PD I108 y de FAO/IAEA CRPD 3.10.28 y CRPD 3.10.30.

Bibliografía

Misztal I *et al.* (2014) Manual for BLUPF90 family of programs. R Core Team (2021). URL <https://www.R-project.org/>
Torsell A *et al.* (2007) Proceedings of the 2007 Interbull meeting **37**: 111-4.

GM 3 Estimation of heritabilities for characteristics related to growth in Texel breed lambsBarchet F¹, Comin H², Schwengber E², da Silveira D³, de Vargas L³, Ciappesoni G^{1*}, Amarilho-Silveira F^{3,4}¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA Tacuarembó, Uruguay, ²Universidade Federal do Pampa, Campus Dom Pedrito, Brazil, ³Programa de Avanço em Genética Ovina – ProAGO, ⁴Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brazil

*E-mail: fernandabarchet2340@gmail.com

*Estimación de heredabilidades para características relacionadas al crecimiento en corderos de la raza Texel***Introduction**

To increase the efficiency in meat production, genetic parameters knowledge is essential. In this context, with meat aptitude, the Texel breed has desired characteristics in sheep breeding to produce more meat in a shorter time. The present study aimed to estimate the maternal and direct heritabilities using the animal model for the traits birth weight (BW), weaning weight (WW), weight at 30 days after weaning (WW30), weight at 60 days after weaning (WW60) and average daily gain from birth to weaning (WGBW) in Texel lambs, managed in the southern region of Brazil.

Materials and Methods

Phenotypic records of 834 Texel sheep, born between 2020 and 2021, raised in the state of Rio Grande do Sul, were used. The data come database of the company ProAGO - Programa de Avanço em Genética Ovina®. The traits studied were BW, WW, WW30, WW60 and WGBW. The animals were weighed at birth and at weaning (≈90 days of age). WW30 and WW60 are records taken at 120 and 150 days of age, respectively. WGBW was calculated using weight at weaning minus weight at birth, divided by age in days at weaning (kg/day). The genealogy was composed of 2828 observations compiled from the kinship information of the 834 animals evaluated for the characteristics in question, descendants of 49 rams and 476 ewes, and has identification of the animal, sire, dam and year of birth.

The (co)variance components and genetic parameters were estimated by Bayesian inference using Gibbs sampling, with the GIBBS2F90 program (Misztal *et al.*, 2002) in single trait analysis. 800,000 cycles were considered, with an initial discard of 200,000 cycles and a sampling interval of 20. Subsequent estimates were obtained using the POSTGIBBSF90 application (Misztal *et al.*, 2002). Single-trait (univariate) analyzes were used to estimate the variance and heritability components using the model:

$$y = X\beta + Za + Mm + Wpe + e$$

where: vector and of the dependent variables (traits); X, Z, M and W are the incidence matrices that relate the observations to the β -fixed effects, for direct genetic random effect, m of maternal genetic random effect and pe of maternal permanent environmental effect and e is the vector of residual random effect. The effects of the contemporary groups (GC-farm, sex, type of birth, year of birth and weaning date) were considered as fixed effects. In addition, were considered as covariates, the effects of the linear and quadratic covariates of animal age at the time of evaluation and the effect of the linear and quadratic covariate for sheep age.

Results and Discussion

The results for maternal heritability for the BW, WW, WW30, WW60 and WGBW characteristics were respectively 0.38 ± 0.05 ; 0.04 ± 0.01 ; 0.07 ± 0.02 ; 0.07 ± 0.03 ; 0.05 ± 0.007 , being of high magnitude only for the BW, as the animal ages, the influence of maternal heritability exerts less effect on animal performance. Results of direct heritability were of moderate

magnitude for all characteristics (BW, WW, WW30, WW60 and WGBW), being respectively $(0.27 \pm 0.01$; 0.27 ± 0.04 ; 0.32 ± 0.04 ; 0.29 ± 0.04 ; 0.21 ± 0.006). This is an important indicator of the possibility of having a response to genetic selection for these traits. Since there is a well-established non-linear relationship between lamb survival and birth weight, that is, both very light lambs (prone to death due to hypothermia and starvation) and very heavy lambs (higher risk of dying due to dystocia) are at risk of dying before weaning, while lambs with an intermediate weight will have a better chance of survival (Sawalha *et al.* 2007). The analysis of growth-related characteristics such as WW and WGBW is a useful tool in the case of sheep with slaughter aptitude, since better WW and WGBW are indicators of the lamb's ability to grow in response to milk (direct h^2) and an indicator of the ewe's ability to supply milk and care for the lamb (maternal h^2). Selection for these characteristics impacts the efficiency of the flock and the system (Olivier *et al.*, 2001; Hatcher *et al.*, 2008), since, after weaning, the animals are expected to continue with good development so that they arrive at slaughter with a better weight and in less time, or, in the case of the females, that they reach the weight for the mating as early as possible.

Conclusions

All characters had moderate values of direct heritability, therefore, BW, WW, WW30, WW60 and WGBW are subject to direct selection, generating a positive response in the genotype and genetic progress of the population.

Acknowledgements

The authors acknowledge the ProAGO® company for sharing the data.

References

- Hatcher, S., Eppleston, J., Graham, R. P., McDonald, J., Schlunke, S., Watt, B., & Thornberry, K. J. (2008). Higher weaning weight improves postweaning growth and survival in young Merino sheep. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 48(7), 966-973.
- Misztal, S.; Tsuruta, S.; Strabel, T.; Auvray, B.; Druet, T.; LEE, D.H. Blupf90 and related programs (BGF90). Proc. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France (2002) Commun. No. 28-07.
- Olivier, W. J., Snyman, M. A., Olivier, J. J., Van Wyk, J. B., & Erasmus, G. J. (2001). Direct and correlated responses to selection for total weight of lamb weaned in Merino sheep. *South African Journal of Animal Science*, 31(2), 115-122.
- Sawalha, R. M., Conington, J., Brotherstone, S., & Villanueva, B. (2007). Analyses of lamb survival of Scottish Blackface sheep. *Animal*, 1(1), 151-157.

GM 4 Estimation of correlations between resilience traits in Texel breed lambsBarchet F^{1*}, Ciappesoni G¹, Brito LF², De Barbieri I¹¹Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA Tacuarembó (Uruguay), ²Purdue University, West Lafayette, IN, USA

*E-mail: fernandabarchet2340@gmail.com

*Estimación de las correlaciones entre rasgos de resiliencia en corderos Texel***Introduction**

Resilient animals are minimally affected by environmental disturbances. When affected, they can return quickly to the state that was previous to the disturbance (Colditz & Hine, 2016). To test this hypothesis, we attempted here to measure the relationship between resilience traits in lambs from the Uruguayan Texel breed.

Materials and Methods

Data was collected at INIA Tacuarembó, La Magnolia Experimental Unit. Animals were housed in the Intensive Sheep Phenotyping Platform for measuring their feed efficiency and methane emissions. Data were from 76 Texel castrated males (n = 41) and females (n = 35) measured during a 56-day test for feed efficiency. Actual starting date was January 2, and the final day February 27, 2023. The period of acclimatation lasted 14 days. The animals were fed *ad libitum* with lucerne haylage (crude protein 26.6%, neutral detergent fiber 31.0%, and acid detergent fiber 25.4%). All protocols applied were approved by the INIA Animal Ethics Committee (INIA 2018.2). Data on daily body weight were collected automatically and sent to the cloud using the Ponta software (Ponta, MG, Brazil). The criterion for editing the information was reported by Amarilho-Silveira *et al.* (2022).

To estimate the average daily gain (ADG, in kg) of each animal, we fitted individuals' regressions of daily body weight. The coefficient of determination (R^2 ADG) and following statistics were calculated with PROC REG of SAS (2023, Cary, NC, USA). The residuals from these regressions were calculated considering actual individual growth trajectory, as suggested by Berghof *et al.* (2019). Other statistics calculated were the variance (VARE), its natural logarithm (LnVARE), and skewness (SKEWe) of the residuals. For the negative residuals we also calculated mean of absolute value (MEAN-e), variance (VAR-e), and skewness (SKEW-e), because negative variations indicate that the animal was affected in a negative way by a disturbance. Additionally, the autocorrelation (ACF) and residual autocovariance (ACOV, lag=1) were estimated by PROC TIMESERIES (SAS). Subsequently, the Pearson correlations between all the pairs of these variables were obtained with PROC CORR (SAS).

Results and Discussion

The ADG of lambs was 0.201 ± 0.035 kg with a minimum of 0.097 kg and a maximum of 0.307 kg. Several traits were highly correlated with each other, such as VARE (LnVARE), ACOV, VAR-e, and MEAN-e (Table 1). Except R^2 ADG, all traits showed non-significant correlation with ADG. While R^2 ADG was correlated with ADG and showed a moderate and negative correlation with VARE (LnVARE), ACOV, VAR-e, and MEAN-e. This can be interpreted that growth curves that better fit the estimated line (higher R^2 ADG values) displayed lower variances. These indicators (R^2 ADG, VARE, LnVARE, ACOV, VAR-e, MEAN-e) can be useful when the purpose is to identify animals that have a higher ability to bounce back after challenges or to be less

affected by them. Explained on, most of them capture the degree and duration of the variations in the animals' growth curve, for example larger VARE shows more pronounced variations.

Also, the following correlations support this statement: VAR-e and VARE; VAR-e and ACOV and LnVARE; ACF and ACOV; ACOV and LnVARE; and VAR-e and MEAN-e.

On the other hand, if the purpose is to identify animals with different response (direction and severity of the deviations) to the disturbances, the skewness of residuals (SWEWe) and negative residual (SKEW-e), which were moderate correlated between them, are recommended (Berghof *et al.*, 2019).

Table 1. Results of the estimated Pearson correlations. NS: the correlation is not significant.

	R^2 ADG	VARE	LnVARE	SKEWe	ACF	ACOV	VAR-e
ADG	0.57	NS	NS	NS	NS	NS	NS
VARE	-0.72						
LnVARE	-0.71	0.96					
SKEWe	NS	-0.35	-0.33				
ACF	-0.27	0.34	0.29	NS			
ACOV	-0.63	0.88	0.79	-0.24	0.69		
VAR-e	-0.59	0.85	0.80	-0.72	NS	0.72	
MEAN-e	-0.65	0.91	0.88	-0.40	0.32	0.80	0.77
SKEW-e	NS	NS	NS	0.50	NS	NS	-0.34

Conclusions

The estimated indicators of the degree and duration of the response after a disturbance were moderately to highly correlated among them. Therefore, they could serve to identify animals with the ability to recover after a challenge. Moreover, they may also be less affected by the disturbance, which cannot be visualized when considering only the ADG trait. The association of the indicators estimated here with long term animal performance requires further investigation, as well as the study of their genetic parameters, with the objective to determine the most promising traits for being included in breeding programs.

Acknowledgements

The authors acknowledge the support of the Agencia Nacional de Investigación e Innovación for funding the master's scholarship and the GENERA project (ARN_18) funded by INIA.

References

- Amarilho-Silveira, F., de Barbieri, I., Cobuci, J. A., Balconi, C. M., de Ferreira, G. F., & Ciappesoni, G. (2022). Residual feed intake for Australian Merino sheep estimated in less than 42 days of trial. *Livestock Science*, 258.
- Berghof, T. V. L., Poppe, M., & Mulder, H. A. (2019). Opportunities to improve resilience in animal breeding programs. *Frontiers in Genetics*, 10(JAN), 1–15.
- Colditz, I. G., & Hine, B. C. (2016). Resilience in farm animals: Biology, management, breeding and implications for animal welfare. In *Animal Production Science* (Vol. 56, Issue 12, pp. 1961–1983). CSIRO.

GM 5 Desarrollo de un método automático para la determinación de largo de pelo en bovinos mediante análisis de imágenesBonamy M^{1,2*}, Gorgojo JP³, Galarza Taborda M², Bucchianeri Faccin F², Giovambattista G¹, Fernández ME¹¹ IGEVET, Facultad de Ciencias Veterinarias UNLP-CONICET, ² Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP), ³ CINDEFI, Facultad de Ciencias Exactas UNLP-CONICET

*E-mail: mbonamy@fcv.unlp.edu.ar

*An automatic method for hair length phenotyping in cattle using image analysis***Introducción**

El largo del pelo tiene un rol importante en la adaptación del ganado bovino al ambiente. Las razas cebuinas, adaptadas a ambientes calurosos y húmedos, poseen pelo más corto que las taurinas. La relación entre la composición y estructura del pelaje bovino y el confort térmico ha sido estudiada previamente y se sabe que el pelo largo, denso y grueso típico de las razas taurinas reduce el flujo de calor desde el animal hacia el exterior, provocando la retención de aire caliente en la interfase piel-pelo. El pelo corto, en cambio facilita la liberación de calor del animal a través de la evaporación del sudor y la radiación principalmente (Balbi *et al.*, 2022).

La determinación del largo de pelo de forma manual es en general lenta, limitando el uso de esta variable ya sea en investigación como en programas de mejora genética. Con el objetivo de resolver esta problemática, en el presente trabajo se planteó el desarrollo de un método para determinar el largo del pelo bovino de forma fácil, rápida, precisa y automática, que permita estudiar el fenotipo a nivel poblacional.

Materiales y Métodos

Las muestras se tomaron de la región costal (a 10 cm de la línea media dorsal) a nivel del último espacio intercostal (entre la 12° - 13° costilla) utilizando una pinza y se almacenaron en sobres de papel hasta su procesamiento.

Para la toma de las fotos para medición de largo de pelo se utilizó una caja cúbica cerrada de 20 cm de lado, con una tapa y una abertura circular en la base para posicionar una cámara desde el exterior. El interior de la caja se iluminó con 4 módulos de 6 luces led de 12/24v en el fondo de la caja del lado interior. En el interior de la tapa, utilizada como base, se colocó una hoja de papel blanco con un cuadrado de 15 cm de lado, sobre la cual se dispersan los pelos (Figura 1.A).

El procedimiento de trabajo consistió en dispersar un número al azar de pelos sobre la hoja de papel evitando la superposición de pelos entre sí y con el cuadrado que delimita el área de medición. Luego se tomó una fotografía bajo parámetros de cámara estandarizados (ISO = 800 y WB = 5100; +/- = 0; Figura 1.B).



Figura 1. A. Caja para la toma de fotografías **B.** Porción ampliada de la imagen obtenida.

Las imágenes se segmentaron para entrenar un algoritmo que permita identificar los pelos sobre el fondo blanco utilizando el plugin *trainable weka segmentation* en el software FIJI (Schindelin *et al.*, 2019). Una vez identificados individualmente los pelos, se buscaron los píxeles terminales y

se midió el largo de la línea trazada entre estos (brazo). Todos estos pasos fueron programados en dos macros en el entorno del software FIJI, que se ejecutaron en tándem. Una vez obtenidas las mediciones se aplicaron filtros para eliminar mediciones correspondientes a artefactos que generan elementos extremadamente pequeños o errores en la disposición de los pelos en la fotografía que generan elementos con más de un brazo.

Para evaluar las mediciones, dos operadores independientes analizaron 10 muestras al azar, y luego se les aplicó la medición automática. La correlación entre las mediciones se calculó utilizando el software R.

Resultados y Discusión

La correlación entre las mediciones obtenidas mediante medición manual y automática fue de 0,997 y 0,999 según el operador interviniente (Tabla 1), con una reducción considerable del tiempo requerido para la evaluación.

Como ventaja adicional, el uso de sistemas automáticos de medición reduce la variabilidad intra-operador e inter-operador, mejorando así la calidad de los datos fenotípicos (Lürig *et al.*, 2021). Además, el algoritmo de medición puede incorporarse en programas informáticos que permitan la medición automática a gran escala una vez que las fotos están disponibles, disminuyendo la necesidad de tiempo de operadores para la evaluación de fenotipos. La posibilidad de medir un gran número de animales posibilita la incorporación del largo de pelo como rasgo en las evaluaciones genéticas.

Tabla 1. Cantidad de pelos evaluados (N) y largo promedio en mm en muestras procesadas mediante método automático y dos operadores independientes.

Muestra	Automático		Operador 1		Operador 2	
	N	Largo prom.	N	Largo prom.	N	Largo prom.
1	173	7,22	174	6,25	189	7,00
2	110	6,65	128	6,37	110	6,71
3	165	5,32	168	4,89	173	5,29
4	198	10,88	205	10,23	173	10,64
5	220	5,01	239	4,73	241	5,07
6	132	13,33	134	12,35	134	13,08
7	116	6,91	118	6,28	117	6,79
8	80	6,58	83	5,96	81	6,47
9	138	6,71	139	6,10	139	6,70
10	114	5,20	114	4,82	115	5,14

Conclusiones

El método de medición automática desarrollado permite evaluar el largo de pelo de forma rápida y precisa.

Agradecimientos

Los autores agradecen a la Asociación Argentina de Brangus (AAB) y a las cabañas participantes por la provisión de las muestras de pelo.

Bibliografía

Balbi M *et al.* (2022) Anim Biotechnol.7, 1-7.
Schindelin J *et al.* (2012) Nat Methods 9, 676-6
Lürig M *et al.* (2021) Front Ecol Evol. 9, 64277.

GM 6 Evaluación del largo de pelo en Brangus: nuevos fenotipos para nuevos desafíosBonamy M^{1,2*}, Kambo S³, Díaz M², Gatti L², Prando I², Giovambattista G¹, Fernández ME¹¹ IGEVET, Facultad de Ciencias Veterinarias UNLP-CONICET, ² Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional de La Plata (UNLP), ³ Asociación Argentina de Brangus (AAB).

*E-mail: mbonamy@fcv.unlp.edu.ar

*Hair length evaluation in Brangus cattle: novel phenotypes for new challenges***Introducción**

La resistencia de los bovinos a las altas temperaturas es una de las características que brindan adaptación a los animales para la producción en climas cálidos. En este sentido el largo de pelo juega un papel importante en la regulación de la temperatura corporal, actuando como una barrera que permite o impide la liberación de calor al medio externo.

La incorporación de nuevas características a evaluaciones genéticas requiere que éstas sean económicamente relevantes, precisas y fáciles de medir, y variables en la población (Landaeta Hernández *et al.*, 2011).

El objetivo del presente trabajo fue evaluar el fenotipo largo de pelo en una subpoblación de bovinos Brangus en términos de su variabilidad poblacional e individual para definir aspectos que permitan establecer protocolos de muestreo.

Materiales y Métodos

En el presente trabajo se utilizaron muestras de 649 animales de raza Brangus de los cuales 332 eran hembras y 317 machos, pertenecientes a 7 establecimientos, hijos de 88 padres. La muestra de cada animal fue obtenida mediante arrancamiento con pinza de al menos 20 pelos a la altura del espacio intercostal 12-13 a 10 cm de la línea media. Las muestras se obtuvieron entre noviembre de 2022 y febrero de 2023.

Cada muestra fue procesada disponiendo la mayor cantidad de pelos posibles sobre un papel blanco, para luego tomar una fotografía en condiciones de luz y distancia estandarizadas. Las mediciones sobre la fotografía se realizaron utilizando un algoritmo de medición automática desarrollado utilizando el programa FIJI (Schindelin *et al.*, 2012).

Con las mediciones obtenidas se ajustó un modelo mixto ajustando el establecimiento y sexo como efecto fijo y el padre como efecto aleatorio utilizando la función *lmer* en el software R.

Además, sobre las muestras obtenidas se aplicaron tres condiciones de filtrado para eliminar los pelos extremadamente largos pertenecientes a la capa superficial, estableciendo como límite a) dos desviaciones estándar, b) tres desviaciones estándar o c) 1,5 veces el rango intercuartil.

Para determinar el número óptimo de pelos a medir por individuo se implementó un algoritmo de remuestreo. En cada individuo se realizaron 100 muestreos con reposición de pelos medidos. La cantidad de pelos a muestrear se fue incrementando de a 5, desde 5 hasta 100 pelos por muestra, y se obtuvo en cada caso la media muestral y el valor absoluto del sesgo respecto al promedio obtenido midiendo la totalidad de los pelos fotografiados. Una vez completadas las 100 muestras, se almacenó el promedio de los promedios obtenidos, la varianza del promedio y el promedio del sesgo en valores absolutos para cada animal y cada tamaño muestral.

Con estos datos se ajustó la función $y_{ij} = \alpha * 1/n_i + e_{ij}$ para evaluar la disminución de la varianza y sesgo promedio en relación con el aumento del tamaño muestral, donde y es la varianza o el sesgo absoluto de la media muestral y n es el tamaño de la muestra i en el animal j . Esta función fue seleccionada entre otras por

presentar un mayor coeficiente de determinación.

El algoritmo de muestreo repetido, como también el ajuste de las funciones de cambio en el sesgo y varianza fueron realizados utilizando el software R.

Resultados y Discusión

La cantidad de pelos medidos por muestra fue, en promedio, de $133,2 \pm 58,9$ con un rango de 22 a 374. La dispersión en la cantidad de pelos medidos tuvo que ver, principalmente, con la disponibilidad de muestra y el largo del pelo, siendo que es más fácil disponer una mayor cantidad de pelos en un área definida cuando éstos son cortos.

El largo de pelo promedio en los animales evaluados fue de $8,78 \pm 3,38$ mm con diferencias entre sexos, donde las hembras tuvieron un largo de pelo promedio de $10,63 \pm 0,24$ y los machos de $6,64 \pm 0,22$ mm. También se observaron variaciones entre establecimientos y entre grupos de padres.

La eliminación de los pelos más largos, probablemente pertenecientes a la capa superficial, no parece modificar de forma importante el valor fenotípico, considerando que la correlación entre la muestra total y las muestras obtenidas luego de filtrar los pelos más largos muestran una correlación de 0,98 a 0,99 dependiendo de la metodología de filtrado empleada.

El análisis del muestreo repetido demuestra que la distribución de la media muestral se mantiene centrada en la media general. Sin embargo, la varianza de la media muestral decrece a razón de $11,003 \pm 0,089$ mm² por cada unidad de cambio en $1/n$, mientras que el sesgo absoluto lo hace a una tasa de $7,349 \pm 0,045$ (Tabla 1).

Tabla 1. Medidas de resumen de la distribución del promedio muestral del largo de pelo según la cantidad de pelos muestreados (n).

n	Sesgo promedio (mm)	Varianza promedio (mm ²)	Rango de la varianza (mm ²)	Sesgo abs. Promedio (mm)
10	0.001	1.110	0.078-6.200	0.768
20	0.001	0.540	0.037-3.540	0.537
30	0.001	0.368	0.024-3.040	0.442
50	0.001	0.217	0.013-1.500	0.338
75	0.001	0.147	0.009-0.867	0.279
100	0.001	0.109	0.007-0.589	0.240

Conclusiones

El largo de pelo es una característica que presenta variación en la población de bovinos Brangus. La varianza de la media muestral del largo de pelo decrece de forma no lineal a medida que aumenta el tamaño de muestra.

Agradecimientos

Agradecemos a la Asociación Argentina de Brangus (AAB) y a las cabañas participantes por la remisión de las muestras.

Bibliografía

Landaeta Hernández *et al.* (2011) Trop Anim Health Prod **43**, 657-663.

Schindelin J *et al.* (2012) Nat Methods **9**, 676-68.

GM 7 Parámetros genéticos de caracteres asociados a la eficiencia reproductiva en hembras bovinas de la raza CriollaTopayan MV^{1,2,3*}, Martínez RD¹, Ernetta L¹, Munilla S^{4,5}¹Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Lomas de Zamora; ²IIPAAS (UNLZ-CIC); ³CONICET; ⁴Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires; ⁵INPA (UBA-CONICET).

*Email: vtopayan@agrarias.unlz.edu.ar

*Genetic parameters for reproductive efficiency associated traits in Creole breed female cattle***Introducción**

El objetivo productivo de los sistemas de cría bovina extensiva se resume en la expresión “un ternero por vaca por año”. En este marco, la eficiencia reproductiva (ER) de la hembra cobra particular interés. La ER puede definirse en términos de dos factores: la precocidad sexual y la fertilidad. La precocidad se relaciona con la menor edad a la que la hembra alcanza la pubertad y comienza su etapa reproductiva. La fertilidad, por su parte, se relaciona con la habilidad para concebir, gestar, parir y criar terneros sostenidamente a lo largo de su vida. La ER puede mejorarse ejerciendo presión de selección sobre caracteres asociados a ambos componentes en la medida que éstos estén sujetos a un control genético. El objetivo del trabajo fue estimar los parámetros genéticos de caracteres asociados a la eficiencia reproductiva en un rodeo de hembras de la raza bovina Criolla argentina.

Materiales y Métodos

Se utilizaron registros del rodeo de hembras de la raza bovina Criolla argentina del establecimiento Cruz de Guerra (25 de Mayo, Buenos Aires) colectados durante el periodo 1989-2021. Los caracteres evaluados fueron la edad al primer parto (EPP, en meses), como un carácter indicador de precocidad sexual, el primer intervalo entre partos (IEP1, en días), la eficiencia materna (EM), definida por la expresión

$$EM = \frac{\text{peso del ternero}}{\text{peso de la madre}} \times 100,$$

donde el peso del ternero está ajustado por su sexo y a la edad de 220 días, y el coeficiente de fertilidad (CF), definido por Rabasa *et al.* (1969) como

$$CF = \frac{12t}{(e-x)},$$

donde t representa el orden de parición, e , la edad de la madre al momento del parto, y x , la edad al primer parto; como caracteres indicadores de diferentes aspectos de la productividad y la fertilidad de la hembra bovina.

Se emplearon datos solo de hembras con fecha de nacimiento conocida y se descartaron valores fenotípicos extremos en base a los cuartiles de la correspondiente distribución. En todos los casos, las hembras registradas provinieron de servicios naturales y estacionados, salvo 205 casos de servicios naturales que se dieron fuera de la estación típica. Para cada carácter, se definieron efectos fijos mediante un análisis de varianza preliminar sobre factores conocidos que afectan la respuesta. La genealogía constó de 2.581 animales.

Para EPP e IEP1 se ajustó un modelo animal unicarácter (AM):

$$y = Xb + Zu + e,$$

donde y representa el vector de observaciones para el carácter, b , el vector de efectos fijos (con matriz de incidencia X), u , el vector de valores de cría (con matriz de incidencia Z), y e , el vector de errores. El modelo se completa con la siguiente especificación: $Cov(u) = A\sigma_A^2$ y $Cov(e) = I\sigma_E^2$, donde A representa la matriz de relaciones aditivas, σ_A^2 y σ_E^2 los componentes de la varianza fenotípica, σ_T^2 .

Por su parte, y dado que los registros asociados a EM y CF se midieron en forma repetida a lo largo de toda la vida de las hembras, el modelo empleado para dichos caracteres fue un modelo animal de medidas repetidas. Este modelo incorpora en su formulación el vector de efectos ambientales maternos permanentes, Ep , donde se asume que $Cov(Ep) = I\sigma_{Ep}^2$.

Los componentes de varianza fueron estimados mediante el algoritmo EM del método de máxima verosimilitud restringida (REML), implementado a través del programa REMLF90 (Miszta *et al.*, 2014). Los parámetros genéticos heredabilidad ($h^2 = \sigma_A^2 / \sigma_T^2$) y repetibilidad ($r = \sigma_A^2 + \sigma_{Ep}^2 / \sigma_T^2$) (sólo para EM y CF) fueron obtenidos a partir de estas estimaciones.

Resultados y discusión

En la Tabla 1 se presentan los valores de los parámetros genéticos estimados. Las heredabilidades obtenidas fueron bajas ($h^2 < 0,1$) para IEP1 y EM, y moderadas para EPP y CF ($h^2 > 0,2$). Valores similares para EPP y IEP1 fueron reportados por Brzakova *et al.* (2019). Se observó que el IEP1 fue mayor en las vaquillonas cuya primera parición fue al comienzo de la temporada, con mayor incidencia en aquellas con servicio precoz. Sin embargo, a largo plazo, el CF fue mayor cuando las pariciones se dieron en forma temprana, con una repetibilidad moderada a alta ($r = 0,53$). Las hembras de categorías jóvenes y adultas (<10 años) fueron más eficientes durante la cría, manifestando una EM promedio superior respecto a las hembras de categoría mayor (> 10 años), aunque este patrón mostró una repetibilidad baja a moderada ($r = 0,15$).

Conclusiones

Todos los caracteres evaluados están, en mayor o menor medida, sujetos a control genético en la población estudiada. En particular, el CF respondería positivamente a la presión de selección. Además, mostró un nivel de repetibilidad que lo posiciona como un criterio útil para tomar decisiones de descarte. Si bien la heredabilidad estimada para la EPP fue moderada, su empleo como criterio en este rodeo es discutible debido al elevado error estándar de la estimación.

Bibliografía

Brzaková *et al.* (2020). *Animals* **11**, 2122-2133.
Miszta *et al.* (2014). Manual for BLUPF90 family of programs. R Core Team (2023). R Foundation for Statistical Computing.
Rabasa *et al.* (1969). *Bol. Gen. Inst. Fitotéc. Castelar* **6**, 21-25.

Tabla 1. Número de datos, efectos fijos y parámetros genéticos estimados para la edad al primer parto (EPP), el primer intervalo entre partos (IEP1), la eficiencia materna (EM) y el coeficiente de fertilidad (CF).

Carácter	Grupo	Efectos fijos (p -value<0,05)	N (#madres)	$h^2 \pm EE$ ($r \pm EE$)
EPP	<30m	Media general	140 (140)	0,24±0,2
IEP1	Completo	EP (comienzo, final)	215 (215)	0,05±0,01
EM	Completo	Rango etario (jóvenes, adultas, viejas)	1949 (275)	0,07±0,04 (0,15±0,02)
CF	Completo	EP (cabeza, cuerpo, cola)	2230 (256)	0,38±0,08 (0,53±0,03)

N: número de datos; EE: error estándar; h^2 : heredabilidad; r : repetibilidad; EP: época de parición dentro de la temporada.

GM 8 Exactitud de los valores de cría predichos bajo el modelo de regresión ancestral para la ganancia diaria de peso en una población de cerdos

Angarita-Barajas BK^{1,2}, Huiyu Wang³, Knapp PW³, Munilla S^{1,2}, Forneris NS^{1,2}, Cantet RJC²

¹Facultad de Agronomía, UBA. ²INPA-CONICET. ³Genus-PIC, Alemania.

*E-mail: angaritabarajas@agro.uba.ar

Accuracy of the estimated breeding values on the ancestral regression model for daily weight gain in a pig population

Introducción

El modelo de selección genómica denominado Regresión Ancestral (AR) es una generalización del Modelo Animal que combina la información del pedigree y genómica para predecir valores de cría (Cantet *et al.* 2017). En AR, los valores de cría (BV) de los individuos en la generación actual son una función no sólo de los BVs de sus padres, sino también de sus abuelos. Por consiguiente, para implementar el modelo AR se requiere estimar dos nuevos parámetros, β_s y β_D , que son propios del individuo (Cantet *et al.* 2022). Estos parámetros se estiman con información genómica y, luego, las estimaciones son utilizadas para construir la inversa de la matriz de covarianzas de los BV (Σ^{-1}) mediante una extensión de las reglas de Henderson (1975) para A^{-1} . Una vez hecho esto, los BV predichos y sus correspondientes exactitudes pueden ser obtenidos mediante la metodología BLUP (Henderson, 1988). Se hipotetizó que, al igual que con otros modelos genómicos, la información de marcadores moleculares contribuye a mejorar la exactitud de los BV predichos. El objetivo del presente trabajo fue comparar las exactitudes de los BV predichos entre ambos modelos empleando los registros de ganancia diaria de peso vivo en una población de cerdos.

Materiales y Métodos

Se usaron los datos genealógicos (10.644 animales) y de ganancia diaria de peso ($n=7.138$, GDP) registrados en una población de cerdos perteneciente a la empresa Genus-PIC. Se emplearon, además, los genotipos (40.585 marcadores SNP) de 4.674 cerdos. Entre ellos, 3.067 animales cuyos padres y abuelos estaban genotipificados conformaron los candidatos a la selección para estimar los parámetros β_s y β_D del modelo AR. El método de estimación utiliza los genotipos de tres generaciones de animales para trazar el origen ancestral de los SNP's que un individuo recibió de sus abuelos, determinar los segmentos IBD (Cheung *et al.*, 2007) y estimar la proporción del genoma compartido entre abuelo y nieto. A partir de este último valor se estiman los β_s y β_D de cada animal y con ellos la inversa de la matriz de covarianzas de los valores de cría (Σ^{-1}) mediante el algoritmo propuesto por Cantet *et al.* (2017).

El carácter GDP fue modelado incluyendo efectos fijos de sexo y línea, y el valor de cría como efecto aleatorio. En primer lugar, se calcularon las matrices Σ^{-1} y A^{-1} , y con ellas se construyeron y resolvieron las ecuaciones de los modelos mixtos (MME) de los modelos ARBLUP y ABLUP. Previamente, se estimaron los componentes de varianza de cada modelo mediante máxima verosimilitud restringida (REML). Las exactitudes se calcularon a partir de la inversa de la matriz de los coeficientes de las MME.

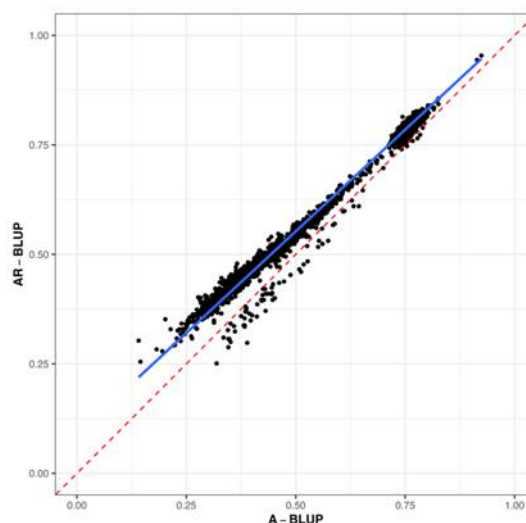


Figura 1. Regresión de las exactitudes de los valores de cría predichos obtenidas bajo el modelo ARBLUP en las obtenidas bajo el modelo ABLUP.

Resultados y Discusión

En la Tabla 1 se presentan estadísticos descriptivos de la distribución de las exactitudes. El rango de las exactitudes con el modelo ARBLUP fue menor, con un mínimo de 0,25 y máximo de 0,95, mientras que con ABLUP varió desde 0,14 a 0,92. La Figura 1 muestra los valores obtenidos para cada uno de los 3.067 cerdos bajo ambos modelos. Las exactitudes obtenidas bajo uno u otro modelo mostraron una elevada correlación ($\rho=0,90$). Sin embargo, aquellas obtenidas bajo el modelo ARBLUP fueron sistemáticamente mayores a las obtenidas bajo el modelo ABLUP. En promedio, el incremento relativo ajustando ARBLUP fue del 7%. Estos resultados pueden atribuirse a que al incluir los parámetros β_s y β_D en el modelo AR, se adicionan 28 nuevas contribuciones a los elementos de Σ^{-1} y en general la varianza de los BV disminuye como consecuencia de la reducción en la varianza del residuo de segregación mendeliano. Asimismo, las diagonales de Σ^{-1} son en promedio más grandes que las de A^{-1} . Con lo cual, ARBLUP muestra menor varianza del error de predicción y mayor exactitud que ABLUP (Cantet *et al.*, 2022).

Conclusión

En la población de cerdos analizada el modelo genómico de Regresión Ancestral mejora la exactitud de los valores de cría predichos en comparación a los obtenidos mediante un Modelo Animal estándar.

Bibliografía

- Cantet RJC *et al.* (2017). *J. Anim Breed Genet.* 134:224-231.
 Cantet RJC *et al.* (2022). *Genet. Sel. Evol.* 54:64.
 Cheung VC *et al.* (2007). *Am. J. Hum. Genet.* 80:526-530.
 Henderson CR (1975). *J Dairy Sci.* 48:1727-1730.
 Henderson CR (1988). *J. Dairy Sci.* 1-16.

Tabla 1. Estadísticos descriptivos de la distribución de las exactitudes.

Modelo	Media	SD ¹	Mínimo	Cuantil 25%	Mediana	Cuantil 75%	Máximo
A-BLUP	0,613	0,174	0,141	0,432	0,739	0,753	0,924
AR-BLUP	0,658	0,163	0,251	0,489	0,773	0,792	0,954

¹Desviación estándar

GM 9 Heterocigosidad genómica en las razas compuestas Braford y Brangus

Cruz DJ^{1*}, Munilla S^{1,2}, Rogberg-Muñoz A^{1,2}

¹Facultad de Agronomía, Universidad de Buenos Aires, ²INPA (UBA-CONICET).

*E-mail: djcruzflores@agro.uba.ar

Genomic heterozygosity in Braford and Brangus composite breeds

Introducción

En las razas compuestas se busca aprovechar la heterosis y la complementariedad para mejorar el desempeño productivo y la adaptabilidad del ganado. La heterocigosidad, que bajo un modelo de dominancia es la causa de la heterosis, no puede estimarse a nivel individual sin datos genómicos. Estos datos permiten obtener información precisa sobre la combinación de los genomas parentales en el individuo, y así determinar el origen racial de cada segmento genómico en un individuo. El objetivo de este trabajo fue identificar zonas de variación de la heterocigosidad racial en animales de las razas compuestas Braford y Brangus utilizando datos genómicos.

Materiales y Métodos

Se utilizó la información de 27.740 polimorfismos de un solo nucleótido (SNPs, por sus siglas en inglés) de animales de las razas Angus (n=90), Hereford (n=100) y Brahman (n=99), como razas parentales, y Brangus (n=225) y Braford (n=206) como razas compuestas. Las proporciones genómicas raciales taurina (P_T) y cebuina (P_C) en las razas compuestas fueron calculadas haciendo uso del software STRUCTURE.

Para cada SNP en los animales de las razas compuestas, se determinaron alelos propios de cada raza parental mediante los programas Shapeit5 (Hofmeister *et al.* 2023) y LOTER (Dias-Alves *et al.* 2018). Posteriormente, se implementó una prueba χ^2 con un nivel de significancia de 0,01 para evaluar si la heterocigosidad a nivel poblacional en cada uno de los SNPs difería de la esperada, definida como $1 - P_T^2 - P_C^2$. Para controlar el error asociado a las pruebas múltiples, se ajustaron los p-valores por el procedimiento de Bonferroni.

Luego, se definieron regiones con heterocigosidad genómica significativamente diferente a la esperada. Para ello, se sumó a nivel de cada cromosoma la longitud de los segmentos (l_{CT}) en el entorno de cada uno de los SNPs cuya heterocigosidad rechazó la prueba de χ^2 . Más específicamente, sea \mathcal{H} el subconjunto de los SNPs que rechazaron la prueba, j el número de orden de cada uno de esos SNPs dentro del cromosoma $\{1, 2, \dots, n\}$ y SNP_j la distancia en kb del j^{th} SNP respecto al inicio del cromosoma, entonces

$$l_{CT} = \sum_{j \in \mathcal{H}} \frac{SNP_{j+1} - SNP_{j-1}}{2} + 1_{\{j=n\}}(SNP_n - SNP_{n-1}),$$

con

$$1_{\{j=n\}} \begin{cases} 0 & \text{si } j < n \\ 1 & \text{si } j = n \end{cases}$$

Resultados y Discusión

En esta investigación no se encontraron regiones con heterocigosidad superior a la esperada. En cambio, algunas regiones mostraron una reducción significativa de la heterocigosidad, indicando selección a favor de una u otra raza parental. En la Figura 1 se representa la extensión de estas regiones en relación con la longitud total de cada cromosoma, expresada en porcentaje. En la raza Braford, el porcentaje de reducción varió entre el 4% y el 52% según el cromosoma, mientras que en la raza Brangus osciló entre el 6% y el 54%.

El enriquecimiento relativo con genes de origen cebuino o taurino sugiere la presencia de procesos genéticos (como la selección) u hereditarios (como la dinámica poblacional) que están operando en regiones específicas del genoma a favor de una u otra raza parental. A modo de ilustración, Goszczynski *et al.* (2017) demostraron que la región del cromosoma 23 del bovino, donde residen genes asociados al sistema mayor de histocompatibilidad, está enriquecida con haplotipos Brahman en el ganado Brangus, lo que podría asociarse con la adaptación de esta raza a ambientes subtropicales.

Conclusiones

Existe variabilidad en la heterocigosidad a nivel genómico y esta difiere entre ambas razas. Los animales Braford mostraron, en general, una mayor reducción en la heterocigosidad.

Bibliografía

- Dias-Alves *et al.* (2018). *Mol Biol Evol* **35**(9), 2318–2326.
- Goszczynski *et al.* (2017). *Animal* **12**(2), 215–223.
- Hofmeister *et al.* (2023). *Nat Genet* **55**, 1243–1249.

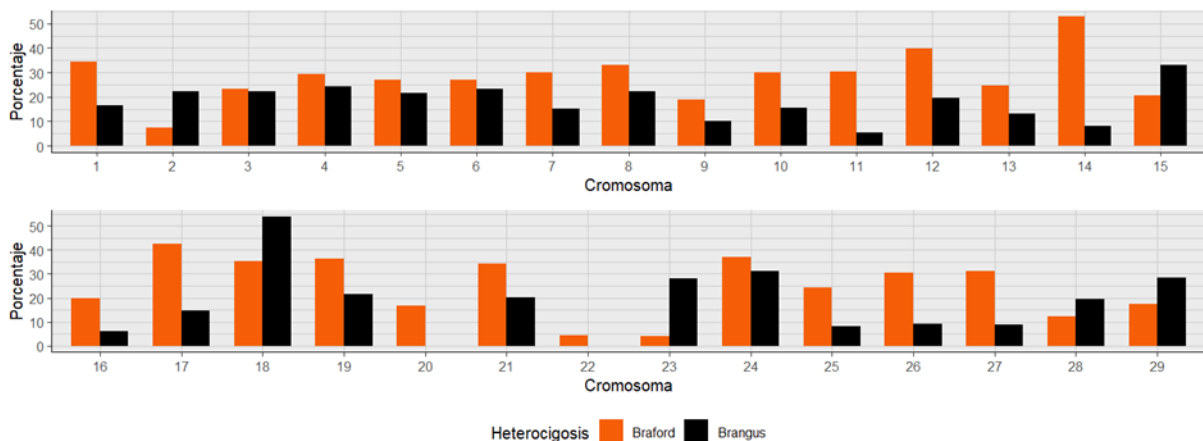


Figura 1. Reducción de la heterocigosidad (en % respecto a la esperada) en los 29 cromosomas autosómicos en las razas Braford y Brangus.

GM 10 Estimación de parámetros genéticos para peso al destete en la raza Corriedale usando modelos con efectos maternosÁlvarez JM^{1,2}, Maizon DO³, Rivera EM⁴, Sturzenbaum V⁴, Milicevic F⁴, Savino R⁵, Mueller JP⁶, Giovannini N⁶, Vozzi A⁷, Pardo A⁸¹ INTA Anguil, ² INTA Valle Inferior-UIISA, ³ Universidad Nacional de Río Negro; ⁴ INTA Santa Cruz, ⁵ Asociación Argentina de Criadores de Corriedale; ⁶ INTA Bariloche, ⁷ INTA Chubut; ⁸ INTA Balcarce.

*E-mail: alvarez.juan@inta.gov.ar

*Genetic parameter estimations for weaning weight in the Corriedale breed using maternal effect models***Introducción**

Corriedale es la raza ovina de doble propósito más difundida en Argentina. Uno de los caracteres de mayor importancia económica en su programa de mejoramiento es el peso al destete. Al ser una característica influenciada por efectos maternos, el progreso genético no sólo depende del criterio y la estrategia de selección, sino también de la proporción de varianza debida a los efectos genéticos directos y maternos, así como del signo y el valor de la correlación entre ambos. En PROVINO, la contribución genética de los efectos directos y maternos en la expresión del carácter no se ha considerado en la evaluación genética de la raza. En consecuencia, el objetivo de este trabajo fue estimar los parámetros de los efectos genéticos directos y maternos para peso al destete en la raza Corriedale.

Materiales y Métodos

Se utilizó la base de datos del Programa de Evaluación y Mejoramiento Genético de la raza, ejecutado por la Asociación Argentina Criadores de Corriedale y el INTA (PROVINO). Se realizó una edición preliminar eliminando animales sin padre o madre desconocida y datos improbables. Finalmente se utilizó una base con 5862 animales en la genealogía (178 carneros y 1993 ovejas con progenie) y 3171 registros de peso al destete. Los componentes de (co)varianza se estimaron mediante máxima verosimilitud restringida usando el software Wombat (Meyer, 2007) y se fijó como criterio de convergencia valores inferiores a 5×10^{-6} para el cambio en el logaritmo de la verosimilitud entre iteraciones. Se probaron tres modelos para descomponer la varianza genética del carácter. El primero consideró sólo el componente aditivo directo (M1), el segundo separó la varianza genética en el componente aditivo directo y el materno (M2) y el tercero consideró además el ambiente permanente (M3). La significancia de la adición de parámetros se chequeó mediante la prueba de razón de la verosimilitud. En los tres casos se consideró como efectos fijos al grupo contemporáneo campo-año, sexo, manejo, tipo de crianza y la edad al registro del carácter como covariable.

Resultados y Discusión

La heredabilidad de la componente directa (h^2) estimada con M1 fue menor respecto a la obtenida con el resto de los modelos y contrasta con estimaciones previas (Álvarez *et al.*, 2020). La separación de los componentes aditivo directo y materno en M2 y M3 mejoró la estimación de h^2 . Los valores obtenidos para este parámetro y para la heredabilidad materna (m^2) se encuentran dentro del rango reportado por otros autores (Safari *et al.*, 2005). La separación del efecto materno en sus componentes genético aditivo y ambiental redujo la m^2 , lo cual sugiere que de no hacerlo se estaría sobreestimando este parámetro. La correlación entre los efectos genéticos aditivos directos y maternos, $r_{(a,m)}$, fue elevada y se incrementó al incluir el componente ambiental permanente (M3). La existencia de un antagonismo genético entre los efectos

directos y maternos de gran magnitud condicionaría la respuesta a la selección a largo plazo. Si bien la selección de machos por efectos directos y hembras por efectos maternos generaría una mayor respuesta inicial, no sería sostenible a largo plazo por una disminución en el mérito genético materno de la población. Meyer (1992) señaló un posible sesgo en la estimación de $r_{(a,m)}$, debido a una correlación ambiental negativa no modelada entre efectos directos y maternos. Munilla y Cantet (2015) introdujeron un nuevo parámetro de esta correlación al modelo, reduciendo significativamente la estimación negativa de $r_{(a,m)}$ para el peso al destete de la raza Hereford, apoyando así lo postulado por Meyer (1992).

Tabla 1. Parámetros genéticos estimados para peso al destete con diferentes modelos. Los errores se presentan entre paréntesis.

Parámetros	Modelos		
	M1	M2	M3
$\sigma_{(p)}^2$	28,1 (0,8)	28,4 (0,8)	28,3 (0,8)
$\sigma_{(e)}^2$	23,8 (1,1)	21,9 (1,3)	21,1 (1,3)
$\sigma_{(a)}^2$	4,3 (1,2)	6,4 (1,8)	6,3 (1,8)
$\sigma_{(m)}^2$	-	4,2 (1,4)	2,8 (1,4)
$\sigma_{(a,m)}$	-	-4,1 (1,5)	-3,8 (1,4)
$\sigma_{(pe)}^2$	-	-	2,0 (0,9)
h^2	0,15 (0,04)	0,23 (0,06)	0,22 (0,06)
m^2	-	0,15 (0,05)	0,10 (0,05)
$r_{(a,m)}$	-	-0,79 (0,12)	-0,91 (0,12)
pe^2	-	-	0,07 (0,03)
Log L	-6816,7	-6809,4	-6806,7
Contraste LR		M2-M1	M3-M2
Valor p		0,0007	0,0201

$\sigma_{(p)}^2$ = Varianza fenotípica, $\sigma_{(e)}^2$ = varianza residual, $\sigma_{(a)}^2$ = varianza aditiva directa, $\sigma_{(m)}^2$ = varianza aditiva materna, $\sigma_{(pe)}^2$ = varianza del efecto ambiental permanente, $\sigma_{(a,m)}$ = covarianza entre el efecto aditivo directo y materno, h^2 = heredabilidad directa, m^2 = heredabilidad materna, pe^2 = efecto ambiental permanente, $r_{(a,m)}$ = correlación entre el componente aditivo directo y materno. Log L = Logaritmo de la verosimilitud. LR = razón de la verosimilitud

Sería deseable realizar nuevas estimaciones, no sólo con más información, sino que modelizando la correlación ambiental madre-cría con otras alternativas. Esto, permitiría descartar o confirmar el antagonismo genético o la correlación ambiental negativa entre las madres y sus crías, que el presente modelo no consideró.

Conclusiones

El uso de modelos con efectos maternos mejoró la estimación de la heredabilidad directa para peso al destete en la raza Corriedale y permitió separar la contribución de los efectos genéticos directos y los maternos. Sin embargo, la correlación entre estos efectos fue negativa y elevada.

Bibliografía

- Álvarez JM *et al.* (2020). RAPA. 40 (S1): 230.
 Meyer K (1992). Genet. Sel. Evol. 24, 487-509.
 Meyer K (2007). J. of Zhejiang University Science B 8, 815-21.
 Munilla S, Cantet R (2015). J. Anim. Sci. 93(6): 2669-2677.
 Safari AI *et.* (2005). Livest. Prod. Sci. 92(3): 271-289.

GM 11 Análisis de pedigrí y variabilidad genética de la raza Corriedale en Argentina

Vozzi PA¹, Álvarez JM^{2,3}, Rivera EM⁴, Sturzenbaum V⁴, Milicevic F⁴, Savino R⁵, Mueller JP⁶, Giovannini N⁶, Maizon DO⁷, Pardo A⁸

¹ INTA Chubut, ² INTA Valle Inferior-UIISA, ³ Universidad Nacional de Río Negro, ⁴ INTA Santa Cruz, ⁵ Asociación Argentina de Criadores de Corriedale, ⁶ INTA Bariloche, ⁷ INTA Anguil, ⁸ INTA Balcarce.

*E-mail: vozzi.alejandro@inta.gob.ar

Pedigree analysis and genetic variability of the Corriedale breed in Argentina

Introducción

Corriedale es la raza ovina de doble propósito más importante de la Argentina, con distribución en todo el país y una presencia relevante en la Patagonia Austral, Pampa Húmeda y Mesopotamia. La raza tiene una estructura genética piramidal con animales de pedigrí en su ápice y desde el año 1989 hay cabañas que utilizan el servicio nacional de evaluación genética PROVINO para obtener el mérito genético (DEP) de los caracteres de interés económico. Para definir estrategias de mejoramiento genético sostenibles en el largo plazo es necesario conocer la evolución de los indicadores de variabilidad genética y estructura de la población. El objetivo del presente trabajo fue analizar la evolución de los parámetros de variabilidad y estructura genética de la raza hasta el año 2022.

Materiales y Métodos

Se analizaron 97.237 registros genealógicos de animales inscriptos en el libro de genealogías de la raza Corriedale de la Sociedad Rural Argentina perteneciente a animales nacidos entre 1989 y 2022. Se utilizó el paquete PEDIG (Boichard, 2002) para estimar parámetros derivados de la probabilidad de origen del gen (Números efectivos de Fundadores, de Ancestros y de Genomas Remantes), contribuciones genéticas de los principales ancestros, la tendencia y la proporción anual de animales consanguíneos nacidos por año en la población estudiada, clasificada en siete períodos de cuatro años.

Resultados y Discusión

Tabla 1. Evolución de parámetros de la probabilidad de origen del gen.

Periodo	Población				50%	
	Referencia	NF	NA	NG	Cont. 1	Cont.
1995-1998	8679	441	438	405	1,4	244
1999-2002	7540	181	176	147	3,8	111
2003-2006	9137	104	98	72	6,3	60
2007-2010	7200	74	69	46	7,3	36
2011-2014	5810	68	60	36	6,5	26
2015-2018	4524	68	56	30	6,4	22
2019-2022	3534	70	54	27	6,4	20

NF: Número Efectivo de Fundadores; NA: Número Efectivo de Ancestros, NG: Número de genomas remanentes; Cont.1: Contribución genética principal ancestros; 50% Cont: Cantidad de ancestros que explican el 50% de la variabilidad detectada en la población de referencia.

Se observa una tendencia a la reducción de la variabilidad genética en todos los parámetros analizados. Esto se explica, en parte, por la estructura genética propia de la raza con un pedigrí cerrado y con escaso aporte de genes del exterior y por la disminución de animales en el registro genealógico. También se observa un aumento en la contribución genética de algunos reproductores en función de la intensidad de selección practicada en el programa de mejoramiento genético y un escaso intercambio o flujo de animales entre regiones del país.

Estos resultados difieren significativamente con los publicados para la raza Merino en Argentina (Vozzi *et al*, 2012) que posee una estructura genética similar, pero con un aporte

de genes de animales importados.

Se observa un aumento considerable de la consanguinidad, registrando un incremento superior al 100% en los últimos 20 años (Figura 1). El porcentaje de animales con algún nivel de consanguinidad es elevado, de hecho el 90% de los nacidos y registrados en los últimos 10 años son endogámicos. Los datos indican que la estructura genética de la población de pedigrí de la raza presenta una reducción de la variabilidad genética explicada por la disminución de la población de pedigrí y por el aumento en la contribución genética de algunos ancestros en función del uso de reproductores destacados en exposiciones y en la evaluación genética (Álvarez *et al.*, 2022), con consecuencias directas en el aumento de las relaciones de parentesco entre los reproductores actuales de la raza.

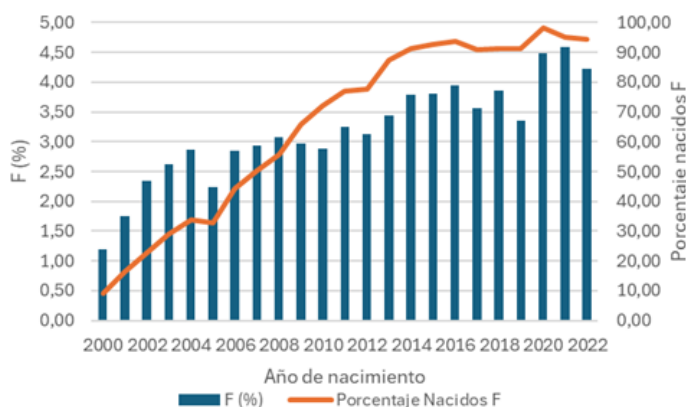


Figura 1. Tendencia anual de endogamia y porcentaje de animales nacidos anualmente con consanguinidad.

Conclusiones

La evolución de los parámetros estudiados indica que la variabilidad genética de la población ha disminuido. En este sentido el hecho de llevar un registro cerrado es una limitante ya que sólo se podría reducir la tasa de incremento de consanguinidad mediante la incorporación de animales importados y la utilización de sistemas de apareamiento que restrinjan o minimicen la consanguinidad. Una apertura de los registros basada en una evaluación genética objetiva, así como en la inspección de animales provenientes de los estratos multiplicadores permitiría incrementar considerablemente la variabilidad genética y aumentar la base de animales disponibles para selección y consiguiente progreso genético.

Bibliografía

- Álvarez JM *et al.* (2022). Anuario de la Asociación Argentina Criadores de Corriedale pp: 77-91.
 Boichard D (2002). 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, 19-23
 Vozzi PA *et al.* (2012). Revista Argentina de Producción Animal 31 (Supl. 1) p. 129

GM 12 Resultados del agrupamiento por consumo residual (*residual feed intake, RFI*) sobre parámetros de crecimiento, consumo y conversión de toritos de varias razas testeados en Argentina

Pordomingo AJ^{1,2}

¹INTA Anguil, ²Facultad de Ciencias Veterinarias, UNLPam

*E-mail: apordomingo@gmail.com

Effects of grouping for residual feed intake on performance beef bulls in Argentina

Introducción

La determinación de consumo residual (RFI) en bovinos presupone que en promedio de grupos, el agrupamiento por esa característica debería tener escaso o nulo efecto sobre el peso y el aumento de peso. El presente estudio compiló los datos de la mayoría de las pruebas de Argentina hasta el presente para verificar ese supuesto.

Materiales y Métodos

Se realizó un análisis grupal de pruebas de RFI de toros con determinaciones de peso vivo inicial (PVi), peso vivo final (PVf), aumento de peso vivo (ADPV), consumo individual de materia seca (CMSo), índice de eficiencia de conversión (CMS/ADPV) y cálculo de consumo residual (RFI). Se analizaron en conjunto los resultados de 20 pruebas de RFI (1694 toros), que ocurrieron desde 2020 a 2024, e incluyeron 9 pruebas de la raza Limangus (692 toros), Angus (694) de Brangus (204 toros), 1 de Hereford (33 toros), 1 de Bonsmara (47 toros) y 1 de Braford (42 toros). Cada prueba fue mono racial. Cada prueba tuvo una duración de al menos 55 días de registro continuo de CMS (luego de una adaptación de 15 días a la dieta, al grupo y las rutinas). Las dietas fueron similares en oferta de EM, (2,2 a 2,3 Mcal/kgMS), con al menos 50% (en base seca) de heno de alfalfa (50 a 70%). Se ofrecieron sin restricciones en comederos electrónicos de registro individual con reposición frecuente de alimento. Los animales se pesaron en dos días consecutivos (se tomó el peso promedio) al inicio y al final de cada prueba. Se calculó para cada animal el ADPV, el consumo diario promedio en base seca (CMSo), el CMSo en relación con el PV medio (CMSPV), el índice de conversión (IC = CMS/ADPV) individual. Con el PV medio (PVm) se calculó el peso metabólico (PVM^{0.75}). Con PVM^{0.75} y ADPV de cada animal como variables independientes y el CMS como variable dependiente se calculó el CMS esperado (CMS_e) mediante una regresión lineal múltiple para cada prueba. El residual estadístico, diferencia entre CMSo y CMS_e, se definió como valor de RFI para cada animal. Se realizaron dos ANOVA del compilado de los datos para comparar los grupos en tratamientos. En un primer análisis se compararon los grupos de RFI negativo (RFI-) vs RFI positivo (RFI+) (Tabla 1). En un segundo análisis se compararon los grupos de RFI inferior a -0.5 kg y superior a +0.5 kg, removiendo el grupo del centro (de -0.5 a 0.5) con el objeto de comprobar si los supuestos se mantienen en esos extremos. Esos grupos se eligieron arbitrariamente en correspondencia con observaciones comerciales del uso del dato. Las medias se separaron por significancia de F ($p < 0.05$).

Resultados

Categorizados los individuos en RFI- o RFI+, no se detectaron efectos de grupo de RFI ($P > 0.13$) sobre PVi, PVf y ADPV. Fueron evidentes los efectos ($P < 0.01$) sobre CMSo, CMSPV e IConv (Tabla 2). Los mismos resultados de la comparación de grupos se detectaron para cada prueba individualmente (no mostrado). Tampoco se detectaron efectos del agrupamiento ($P > 0.25$) al comparar los grupos extremos de RFI inferior a -0.5

y superior a 0.5 kg sobre PVi, PVf y ADPV, y se detectaron los efectos diferenciales sobre CMSo, e IConv.

Tabla 1. Efectos del agrupamiento por RFI sobre parámetros de crecimiento y conversión

	RFI -	RFI +	EEM	P =
n	874	823		
RFI, kg	-0.724	0.767	0.02	<0.01
Pvi, kg	354	360	2.8	0.14
PVf, kg	451	457	2.7	0.13
PVm, kg	401	405	2.7	0.24
CMSPV, %	2.48	2.84	0.02	<0.01
CMSo, kg/d	9.6	11.1	0.06	<0.01
ADPV, kg/d	1.652	1.655	0.02	0.90
IConv	6.1	7.0	0.05	<0.01

Tabla 2. Efectos de los grupos de RFI de < -0.5 y > 0.5 sobre parámetros de crecimiento y conversión

Grupo RFI	< -0.5	> 0.5	EEM	P =
n	482	491		
RFI, kg	-1.12	1.12	0.026	<0.01
Pvi, kg	353	357	3.55	0.41
PVf, kg	452	458	3.45	0.25
PVm, kg	401	404	3.51	0.64
CMSo, kg/d	9.3	11.6	0.07	<0.01
CMSPV, %	2.41	2.98	0.03	<0.01
ADPV, kg/d	1.674	1.692	0.020	0.51
IConv	5.92	7.2	0.08	<0.01

Conclusiones

En promedio, los toros del grupo RFI positivo vs el grupo RFI negativo tuvieron un CMS 16% superior y un IC (CMS/ADPV) 14% mayor. Los RFI- comieron 0,724 kg/d menos de lo esperado y los RFI+ 0,767 más. Sobre la comparación de promedio de grupos extremos, el RFI resultó de 1.12 kg/d inferior al esperado para el grupo de < -0.5 y de 1.12 superior para el grupo de RFI > 0.5 kg/d. No se detectaron diferencias entre ambos grupos en parámetros de crecimiento, pero los del primer grupo tuvieron un CMS 24% inferior y un IConv 21% superior. Se destaca la implicancia del ahorro de alimento que resultaría de animales que produzcan lo mismo con un cuarto menos de alimento comparados con los del otro.

GM 13 Correlación entre consumo residual (*residual feed intake, RFI*) y parámetros de carcasa de varias razas de toros testeados en Argentina

Pordomingo AJ^{1,3*}, Garro RJA¹, Pordomingo AB^{1,2}, Peñafort R⁴, Marchio P⁴, Chiufolini A⁴

¹INTA Anguil, ²Fac. de Ciencias Exactas y Naturales, ³Ciencias Veterinarias, UNLPam, ⁴Insights S.A.

*E-mail: apordomingo@gmail.com

Correlation between residual feed intake and carcass traits of beef breed bulls in Argentina

Introducción

La evidencia científica indica que el valor de consumo residual (RFI) permite la identificación de animales con diferencias en eficiencia de conversión sin afectar los parámetros de crecimiento y composición de res y carne. El presente estudio compiló experiencias recientes de evaluación de RFI en Argentina para verificar ese supuesto.

Materiales y Métodos

Se realizó un meta-análisis de pruebas de RFI de toros jóvenes con determinaciones de crecimiento y conversión: peso vivo inicial (PVi), peso vivo final (PVf), aumento de peso vivo (ADPV), consumo individual diario promedio de materia seca (CMSo), índice de eficiencia de conversión (CMS/ADPV) y consumo residual (RFI); y parámetros de res: área de ojo del bife (AOB), espesor de grasa dorsal (EGD), espesor de grasa de cadera (EGC) y contenido de grasa intramuscular (GI). Se analizaron en conjunto los resultados de 13 pruebas de RFI (865 toros), que ocurrieron desde 2020 a 2024, e incluyeron 7 pruebas de la raza Limangus (539 toros), 3 de Brangus (204 toros), 1 de Hereford (33 toros), 1 de Bonsmara (47 toros) y 1 de Braford (42 toros). Cada prueba fue mono racial. Solo se incorporaron pruebas complementadas con datos de res determinados por ultrasonografía al finalizar cada una. Las pruebas tuvieron una duración de 55 a 65 días de registro continuo de CMS (luego de una adaptación de 15 días a la dieta, al grupo y las rutinas). Las dietas fueron similares en oferta de EM, (2,2 a 2,3 Mcal/kgMS), con al menos 50% (en base seca) de heno de alfalfa (50 a 70%). Se ofrecieron sin restricciones en comederos electrónicos de registro individual con reposición frecuente de alimento. Los animales se pesaron en dos días consecutivos (se tomó el peso promedio) al inicio y al final de cada prueba. Se calculó para cada animal el ADPV, el CMSo, el CMSo en relación con el PV medio (CMSPV) y el índice de conversión (IConv = CMS/ADPV) individual. Con el PV medio (PVM) se calculó el peso metabólico ($PV_m^{0.75}$). Con el $PV_m^{0.75}$ y el ADPV de cada animal como variables independientes y el CMSo como variable dependiente se calculó el CMS esperable (CMSe) mediante una regresión lineal múltiple para cada prueba. El residual estadístico, diferencia entre CMSo y CMSe, se definió como valor de RFI para cada animal. Al finalizar cada prueba se procedió a la determinación de AOB, EGD, EGC y GI de cada animal mediante ultrasonografía de res sobre el dorso del animal incluyendo el músculo *longissimus thoracis* entre la 10 a 11va costilla. Se determinó el coeficiente de correlación de Pearson para la relación entre RFI y los parámetros de crecimiento, conversión y res de cada prueba y todas las pruebas en conjunto y cada una de ellas. Se realizó un ANOVA del compilado de los datos para comparar los grupos de RFI negativo (RFI-) vs RFI positivo (RFI+) a través de todas las pruebas como para cada una. Las medias se separaron por significancia de F ($P < 0.05$).

Tabla 1. Coeficiente de correlación entre RFI y parámetros de crecimiento y carcasa

	r	EE	P
PVi, kg	0.01	2.65	0.68
PVf, kg	0.01	2.59	0.99
PVm, kg	-0.02	2.59	0.99
ADPV, kg	-0.0012	0.01	0.98
IC	0.37	0.05	<0.01
CMSo, kg	0.99	0.04	<0.01
CMSe, kg	0.11	0.04	<0.01
CMSPV, %	0.39	0.017	<0.01
AOB, cm ²	-0.0002	0.39	0.95
EGD, mm	0.03	0.07	0.36
EGC, mm	0.03	0.09	0.46
GI, %	0.001	0.02	0.79

Tabla 2. Efectos del RFI sobre parámetros de crecimiento, conversión y res

	RFI-	RFI+	EE	P
RFI	-0.72	0.79	0.03	<0.01
PVi, kg	379	385	3.7	0.15
PVf, kg	471	477	3.54	0.15
ADPV, kg	1.526	1.542	0.018	0.50
CMSo, kg	9.35	10.9	0.071	<0.01
CMSPV, %	2.27	2.61	0.003	<0.01
IConv	6.44	7.37	0.07	<0.01
AOB, cm ²	82.3	82.6	0.6	0.68
EGD, mm	4.67	4.9	0.11	0.15
EGC, mm	6.75	6.9	0.14	0.44
GI, %	2.73	2.76	0.03	0.48

Resultados

Para el compilado de pruebas no se detectaron correlaciones ($P > 0.36$) de RFI con AOB, EGD, EGC y GI (Tabla 1). Tampoco se detectaron correlaciones significativas para cada prueba (no mostrado). Categorizados los individuos en grupo RFI negativo (RFI-) y grupo positivo (RFI+), no se detectaron efectos de grupo ($P > 0.14$) sobre los parámetros de carcasa, PVi, PVf y ADPV. Fueron evidentes los efectos ($P < 0.01$) sobre CMSo, CMSPV e IConv (Tabla 2). Los mismos resultados de la comparación de grupos se detectaron en cada una de las pruebas (no mostrado).

Conclusiones

En promedio de tipos raciales y pruebas, no hay evidencia para sugerir una correlación significativa entre RFI y parámetros de carcasa. En promedio, los toros del grupo RFI positivo tuvieron un CMS 17% superior y un IConv (CMS/ADPV) 14% mayor vs el grupo RFI negativo, sin evidencia de diferencias en parámetros de carcasa. En promedio de todas las pruebas, los RFI- comieron 0,720 kg/d menos de lo calculado y los RFI+ 0,790 más.