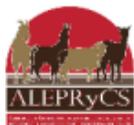




# VIII Congresso Latinoamericano de Pequeños Rumiantes y Camélidos Sudamericanos — ALEPRyCS —

16 -18 de Mayo de 2013 | Campo Grande, MS | Brasil



Apresentação Apresentação

Programação Programación

Palestras Charlas

Resumos Resúmenes

Organização Organización

O presente trabalho foi realizado com o apoio da CAPES, entidade do Governo Brasileiro voltada para a formação de recursos humanos (Programa de Apoio de Eventos no País - PAEP/2013).



## COORDENAÇÃO GERAL

Dra. Maria Inês Lenz Souza – Presidente – UFMS – Campo Grande – MS – Brasil

MSc. Fernando Alvarenga Reis – Vice-Presidente – EMBRAPA – Campo Grande – MS

Dr. José Alexandre Agiova da Costa – EMBRAPA – Campo Grande – MS

## COMITÊ ACESSOR

Dr. Luis Fernando Uribe-Velásquez – Universidad de Caldas – Colômbia

Dr. Fernando Miranda de Vargas Júnior – UFGD – Dourados – MS – Brasil

MSc. Etza Maria Galvão Ciffoni – UTP – Curitiba – PR – Brasil

Dra. Milena Wolff Ferreira – UCDB – Campo Grande – MS – Brasil

Dra. Monalissa de Melo Stradiotto – UCDB – Campo Grande – MS – Brasil

Dr. Alexandre Menezes Dias – UCDB – Campo Grande – MS – Brasil

M.V. Marcelo Alexandrino Leandro Gressler – M2 – Campo Grande – MS – Brasil

MSc. Luiz Antônio Dias Leal – CNPqC – EMBRAPA – Campo Grande – MS

Jsta. Dalízia Montenário Aguiar – CNPqC – EMBRAPA – Campo Grande – MS

## EDITORIAÇÃO

**Editor:** Dra. Maria Inês Lenz Souza – Presidente – UFMS – Campo Grande – MS – Brasil

**Desenvolvimento do CD:** MSc. Luiz Antônio Dias Leal – CNPqC – EMBRAPA – Campo Grande – MS

**PARÁMETROS GENÉTICOS DE CARACTERES DE CRECIMIENTO EN ALPACAS  
HUACAYA (*Vicugna pacos*) DEL INIA – PERÚ – UTILIZANDO EL MÉTODO DE  
MÁXIMA VEROSIMILITUD RESTRINGIDA**

Mamani-Cato, R.H.<sup>1\*</sup>, Huanca, T.<sup>1</sup>, Apaza, N.<sup>1</sup>, Gonzáles, M.L.<sup>1</sup>, Sapaná, R.<sup>1</sup>, Cárdenas, O.<sup>1</sup>,  
Cavalcanti, G.S.<sup>1</sup>, Condori-Rojas, N.<sup>1</sup>, Gallegos, R.F.<sup>2</sup>, Gutiérrez, J.P.<sup>3</sup>

**RESUMEN**

El objetivo del estudio fue estimar los parámetros genéticos de caracteres de crecimiento en alpacas Huacaya del Centro de Investigación y Producción (CIP) - Quimsachata del Instituto Nacional de Innovación Agraria INIA, Puno, Perú en la zona agroecológica de puna seca. Se analizaron 13688 registros de producción de alpacas Huacaya. Para el análisis de datos se ha utilizado un modelo animal que incluyó los efectos aleatorios genéticos aditivos directo y materno y de ambiente permanente materno. Los efectos fijos fueron el año de nacimiento, mes de nacimiento, color de la alpaca, sexo, la edad de la madre y las edades al destete y al año de edad se consideraron como covariables. La metodología de estimación de parámetros genéticos es del tipo frecuentista basada en el Método de Máxima Verosimilitud Restringida (REML) para lo cual se usó el programa VCE v 5.0. Las heredabilidades aditivas directas fueron: 0,0806 ± 0,036 para peso al nacimiento, 0,019 ± 0,030 para peso al destete y 0,121 ± 0,056 para peso al año de edad. Las heredabilidades aditivas maternas fueron: 0,280 ± 0,020 para peso al nacimiento, 0,245 ± 0,028 para peso al destete y 0,204 ± 0,042 para peso al año de edad. Las correlaciones genéticas aditivas directas fueron: para peso nacimiento con peso destete (0,411), peso nacimiento con peso al año de edad (0,287) y peso destete con peso al año de edad (0,878). Las correlaciones fenotípicas fueron de mediana a alta magnitud. Se concluye que las heredabilidades sugieren que la selección individual por peso al nacimiento, peso al destete y peso al año de edad resultará en un progreso genético bajo. El efecto materno presenta influencia sobre el peso al nacimiento, peso al destete y peso al año de edad.

**Palabras clave:** Alpaca, Caracteres de crecimiento, Huacaya, Parámetros genéticos, REML

**ABSTRACT**

The aim of this work was estimate genetic parameters to traits of growth in alpacas Huacaya of the Research Center and Production - Quimsachata of the National Institute of Agrarian Innovation, Puno, Peru. You were examined 13688 alpacas' records of production Huacaya and animal model has been used for the analysis of data. The model included the random direct and maternal additive genetic and maternal permanent environment effects. The fixed effects were the year of birth, month of birth, colour of the alpaca, sex, the age of the mother, they consider the age to the weaning to the year of age and like covariant. Genetic parameters were estimated via a multitrait restricted maximum likelihood (REML) procedure applied to mixed linear models. All run were carried out using the VCE v.5.0 program. The direct heritabilities went: 0.0806 ± 0.036 for weight to the birth, 0.019± 0.030 for weight to weaning and 0.121± 0.056 for weight to the year of age. The maternal heritabilities went: 0.280±0.020 for weight to the birth, 0.245 ±0.028 for weight to weaning and 0.204± 0.042 for weight to the year of age. The genetic additive direct correlations are: Weight, birth with weight wean (0.411), weight birth with weight to the year of age (0.287) and weight, wean with weight the year of age (0.878).The phenotypic correlations between traits were moderate to high and the positive. In conclusion, the heritabilities suggest than the individual selection by weight to the birth, weight to weaning and weight to the year of age will result in a genetic low progress. The maternal effect acts on the weight to the birth, the weight to weaning and the weight to the year of age.

**Keywords:** Alpaca, growth traits, Huacaya, genetic parameters, likelihood

---

<sup>1</sup>Instituto Nacional de Innovación Agraria INIA, Programa Nacional de Investigación en Camélidos, Puno, Perú, [ruben.consultores@gmail.com](mailto:ruben.consultores@gmail.com)

<sup>2</sup>Universidad Nacional del Altiplano, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Puno, Perú, [rfgallegosacero@hotmail.com](mailto:rfgallegosacero@hotmail.com)

<sup>3</sup>Universidad Complutense de Madrid, Facultad de Veterinaria, Departamento de Producción Animal, Madrid, España, [gutgar@vet.ucm.es](mailto:gutgar@vet.ucm.es)

### Introducción

La alpaca es una de las 4 especies de camélidos sudamericanos que habita en la zona alto andina. La crianza de esta especie genera recursos económicos para el poblador rural por la producción de fibra y carne. El Perú presenta la mayor población de alpacas a nivel mundial con 87%. En el Perú la mayor población se encuentra en la región Puno con 56%. El peso al nacimiento no sólo es importante para la supervivencia, sino también para la actividad vital; un peso al nacimiento bajo tiene una influencia negativa en el crecimiento postnatal (Milligan et al., 2002). Los métodos de selección y la estimación del progreso genético dependen del conocimiento de los parámetros genéticos de las poblaciones evaluadas, existiendo diferencia en éstos parámetros entre poblaciones criadas en ambientes diferentes (Koots et al., 1994). El desarrollo de un programa de mejora genética depende de su elaboración, del conocimiento de las estimaciones precisas y confiables de los parámetros genéticos, fenotípicos y ambientales de la población a ser mejorada. El método de máxima verosimilitud restringida (REML), propuesto por Patterson & Thompson (1971), es el más recomendado para la estimación de componentes de (co)varianza en animales, donde las estimaciones se mantienen siempre dentro del espacio paramétrico. (Anderson, 1984; Costa et al., 2001). Los parámetros genéticos son utilizados en las evaluaciones genéticas, en la predicción del progreso genético y en la elección de las estrategias de mejora genética y dependen de la frecuencia génica y de la variabilidad ambiental (Falconer y Mackay, 1996). El objetivo del estudio fue estimar los parámetros genéticos de caracteres de crecimiento de alpacas Huacaya del INIA – Perú vía REML.

### Materiales y Métodos

#### Datos

Los datos de producción y pedigrí fueron obtenidos de los registros de producción (parición, destete y peso vivo mensual) y de reproducción (empadre controlado) del periodo 1996 al 2012 del Centro de Investigación y Producción (CIP) Quimsachata perteneciente al Instituto Nacional de Innovación Agraria INIA, ubicado en el distrito de Santa Lucía de la provincia de Lampa del departamento de Puno, Perú, a una altitud de 4200 m sobre el nivel del mar. Este Centro se encuentra en la zona agroecológica de puna seca, cuenta con una extensión de 6100 hás. Los registros fueron sistematizados en la hoja de cálculo del programa Microsoft Office Excel®. Los caracteres analizados fueron peso al nacimiento (en kg; PN), peso al destete (en kg; PD) y peso al año de edad (en kg; PA). Una vez sistematizados los registros productivos y reproductivos se han editado para excluir a animales con errores en la identificación o las fechas de nacimiento ambiguas. Se analizó 13688 registros de producción de alpacas Huacaya (Tabla 1).

Tabla 1. Estructura del archivo de datos, en alpacas Huacaya

Carácter	N° de animales	Media ± desviación estándar
Peso al nacimiento (en kg; PN)	5855	6,22 ± 1,10
Peso al destete (en kg; PD)	4451	23,59 ± 4,52
Peso al año de edad (en kg; PA)	3382	26,19 ± 4,74

#### Análisis genético

Los efectos fijos y las covariables a ser incluidos en el modelo animal fueron definidos según el grado de significancia utilizando el método de mínimos cuadrados ordinarios por medio del procedimiento **GLM** del programa estadístico **SAS®** (**SAS 9.2**, Institute. Inc., Cary, NC, USA). Fue creada una matriz de parentesco considerando hasta cinco generaciones, incluyendo todos los animales disponibles, quedando un archivo de pedigree conteniendo 11458 animales.

Para este estudio se ha utilizado el **MODELO ANIMAL**, cuyo modelo estadístico en notación matricial fue:

$$y = X\beta + Z_a a + Z_m m + Z_c c + e$$

donde **y** es el vector de caracteres observados (peso al nacimiento, peso al destete y peso al año de edad);  **$\beta$**  es el vector de efectos fijos que incluyó: el año de nacimiento (17 niveles: 1996 al 2012), mes de nacimiento (5 niveles: diciembre, enero, febrero, marzo y abril), sexo (2 niveles: macho y hembra), color (3 niveles: blanco, color y tonalidad) edad de la madre al parto (10 niveles: 2 a 11 años como covariable cuadrática) y las edades al destete y al año de edad en días como covariable

lineal se consideraron para la variable peso al destete y peso al año de edad respectivamente;  $\mathbf{a}$  es el vector de efectos genéticos aditivos directos;  $\mathbf{m}$  es el vector de efectos genéticos aditivos maternos;  $\mathbf{c}$  es el vector de efecto de ambiente permanente materno;  $\mathbf{e}$  es el vector de los efectos aleatorios residuales.  $\mathbf{X}$ ,  $\mathbf{Z}_a$ ,  $\mathbf{Z}_m$ ,  $\mathbf{Z}_c$  son las matrices de incidencia relacionando a  $\boldsymbol{\beta}$ ,  $\mathbf{a}$ ,  $\mathbf{m}$  y  $\mathbf{c}$  con  $\mathbf{y}$ . Para el peso al nacimiento fue excluido del modelo el efecto fijo sexo. En este estudio se asume que  $E[\mathbf{y}]=\mathbf{X}\boldsymbol{\beta}$ ;  $\text{Var}(\mathbf{a}) = \mathbf{A} \otimes \boldsymbol{\Sigma}_a$ ;  $\text{Var}(\mathbf{m}) = \mathbf{A} \otimes \boldsymbol{\Sigma}_m$ ;  $\text{Var}(\mathbf{c}) = \mathbf{I} \otimes \boldsymbol{\Sigma}_c$  y  $\text{Var}(\mathbf{e}) = \mathbf{A} \otimes \boldsymbol{\Sigma}_e$ , en el que  $\boldsymbol{\Sigma}_a$  es la matriz de covarianzas genéticas aditivas;  $\boldsymbol{\Sigma}_m$  es la matriz de covarianzas genéticas maternas;  $\boldsymbol{\Sigma}_c$  es la matriz de covarianzas de ambiente permanente materno;  $\boldsymbol{\Sigma}_e$  es la matriz de covarianza residual;  $\mathbf{A}$ , es la matriz del numerador de relaciones genético-aditivas;  $\mathbf{I}$  es la matriz identidad; y  $\otimes$  es el producto directo entre matrices. Se asume que los vectores  $\mathbf{a}$ ,  $\mathbf{m}$ ,  $\mathbf{c}$  y  $\mathbf{e}$  no están correlacionados entre sí. Las (co) varianzas y la heredabilidad para el peso al nacimiento, peso al destete y peso al año de edad fue estimado en análisis univariado; sin embargo las correlaciones genéticas directas y maternas y las correlaciones fenotípicas se estimaron en análisis bivariados. La metodología de estimación de parámetros genéticos es del tipo frecuentista basada en el Método de Máxima Verosimilitud Restringida (REML), descrito por Patterson & Thompson (1971), para lo cual se usó el programa VCE v 5.0 (Variance Component Estimation) (Neumaier and Groeneveld, 1998).

### Resultados y Discusión

En cuanto a los efectos fijos estudiados solamente el sexo no tuvo influencia significativa sobre el peso al nacimiento ( $p \geq 0,05$ ); sin embargo los demás efectos fijos tuvieron influencia significativa sobre el peso al nacimiento, peso al destete y peso al año de edad ( $p < 0,01$ ). Las estimaciones de las heredabilidades y correlaciones genéticas aditivas directas y maternas presentan errores estándar aproximados, que variaron de 0,020 a 0,072 los cuales son bajos y nos indican que estas estimaciones son confiables. Las estimaciones de la heredabilidades para los efectos genéticos directos ( $h_a^2$ ) fueron bajas indicando que la variación genética aditiva contribuye muy poco en la variación total y que estos caracteres pueden responder poco a la selección individual. Estos resultados también nos revelan la importancia de incluir el efecto de ambiente materno en los modelos de análisis de estos caracteres, evitando la sobreestimación del efecto genético aditivo directo y/o del efecto genético materno. Las estimaciones de las heredabilidades para los efectos genéticos materno ( $h_m^2$ ) fueron de mediana magnitud. Las correlaciones genéticas directas fueron de baja a alta magnitud variando de 0,287 entre PN y PA a 0,878 entre PD y PA (Tabla 3). Se observa que las correlaciones genéticas directas tienden a disminuir con el aumento del tiempo entre los pesos. La correlación genética directa entre PD y PA es alta, indicando que la mayoría de los genes que influyen sobre el peso al destete influyen también sobre el peso al año de edad y en el mismo sentido lo que resultaría en una respuesta correlacionada eficiente. Sin embargo se sabe que la respuesta correlacionada no depende exclusivamente de la correlación entre los caracteres, sino también de las heredabilidades. De esta forma a pesar de las altas correlaciones genéticas estimadas, el progreso genético por la selección indirecta será bajo. Las correlaciones genéticas maternas entre los pesos fueron de mediana magnitud con valores variando de 0,409 entre PN y PA a 0,528 entre PN y PD (Tabla 3). Estos valores muestran que los genes para el efecto materno influyen en los tres pesos estudiados en el mismo sentido, pero en magnitudes diferentes. Las correlaciones fenotípicas fueron de mediana a alta magnitud.

Tabla 2. Estimaciones de los componentes de varianza, heredabilidades y su error estándar de caracteres de crecimiento en alpacas Huacaya del INIA, Perú, vía REML

Parámetros	Peso al nacimiento	Peso al destete	Peso al año de edad
$\sigma_a^2$	0,08609	0,30751	2,22765
$\sigma_e^2$	0,63892	12,7174	13,3280
$\sigma_{pm}^2$	0,021130	0,16103	0,13098
$\sigma_{dm}$	-0,01179	-0,35494	-0,52206
$\sigma_m^2$	0,28155	4,05816	3,75320
$\sigma_p^2$	1,00410	16,5342	18,3957
$h_a^2$	0,086 ± 0,036	0,019 ± 0,030	0,121 ± 0,056
$h_m^2$	0,280 ± 0,020	0,245 ± 0,028	0,204 ± 0,042

$\sigma_d^2$  = varianza genética aditiva directa;  $\sigma_e^2$  = varianza residual;  $\sigma_{pm}^2$  = varianza ambiental permanente materna;  $\sigma_{dm}$  = co-varianza genética aditiva directa y materna;  $\sigma_m^2$  = varianza genética aditiva materna;  $\sigma_p^2$  = varianza fenotípica;  $h_d^2$  = heredabilidad genética aditiva directa;  $h_m^2$  = heredabilidad genética aditiva materna.  
Tabla 3. Correlaciones genéticas aditivas directas, correlaciones genéticas aditivas maternas y correlaciones fenotípicas en alpacas Huacaya del INIA, Perú, vía REML.

Carácter	Correlación genética aditiva directa	Correlación genética aditiva materna	Correlación fenotípica
Peso nacimiento – Peso destete	0,411 ± 0,029	0,528 ± 0,029	0,489
Peso nacimiento – Peso al año de edad	0,287 ± 0,025	0,409 ± 0,034	0,387
Peso destete – Peso al año de edad	0,878 ± 0,023	0,469 ± 0,072	0,885

La heredabilidad genética aditiva directa del peso al nacimiento del presente estudio es inferior a los reportes de Ruiz de Castilla y col. (1992) (0,32 ± 0,12); Bustinza y col. (1988) (0,34 ± 0,23); Bravo y Velasco (1983) (0,53); Wuliji y col. (2000) (0,63 ± 0,16) y Trillo (2011) (0,178 ± 0,096). La heredabilidad genética aditiva directa del peso al destete de este estudio es inferior en comparación a los reportes de Bravo y Velasco (1983) (0,39); Ruiz de Castilla y col. (1992) (0,41 ± 0,14); Wuliji y col. (2000) (0,41 ± 0,47) y Trillo (2011) (0,175 ± 0,101). Trillo (2011) reporta una correlación genética negativa y alta entre peso al nacimiento y peso al destete (-0,985). Los diferentes valores de heredabilidad reportados en la literatura se deben a diferencias en el cociente varianza genética aditiva/varianza fenotípica entre poblaciones, para un mismo carácter y especie. Otras causas son el método de estimación, la cantidad y fuente de los datos (Falconer y Mackay, 1996). Se concluye que las estimaciones de las heredabilidades sugieren que la selección individual por peso al nacimiento, peso al destete y peso al año de edad resultará en un progreso genético bajo. El efecto materno presenta influencia sobre el peso al nacimiento, peso al destete y peso al año de edad.

#### Referencias Bibliográficas

1. Anderson RD. Variance components. In: Quaas RL, Anderson RD, Gilmour AR. **Use of mixed models for prediction and for estimation of (co) variance components**. University of New England-AGBU, 1984. p.77-145.
2. Bravo W, Velasco J. Índices de herencia de pesos al nacimiento, al destete y primera esquila en alpacas. **Compendio de Resúmenes de Proyectos de Investigación realizados por la UNMSM**. Tomo III. Lima, Perú. 1983.
3. Bustinza AV, Burfening PJ, Blackwell RL. Factors Affecting Survival in Young Alpacas (*Lama pacos*). **J. Anim Sci.**, 66: 1139-1143, 1988.
4. Costa ARC, Lopes PS, Torres RA. Estimación de parámetros genéticos em características de desempenho de suínos das raças Large White, Landrace e Duroc. **Rev. Bras. Zootecn.**, 30: 49-55, 2001.
5. Falconer DS, Mackay TFC. Introduction to Quantitative Genetics, 4.ed. London: Longman. 1996.
6. Koots KR, Gibson JP, Wilton JW. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits. 2. Phenotypic and genetic correlations. **Anim. Breed. Abstr.**, 62: 309-338, 1994.
7. Milligan BN, Fraser D, Kramer DL. Within-litter birth weight variation in the domestic pig and its relation to pre-weaning survival, weight gain and variation in weaning weights. **Livest. Prod. Sci.**, 76: 181-191, 2002.
8. Neumaier A, Groeneveld E. Restricted Maximum Likelihood Estimation of Covariances in Sparse Linear Models. **Genet. Sel. Evol.**, 1: 3-26, 1998.
9. Patterson HD, Thompson R. Recovery of inter-block information when block size are unequal. **Biometrics**, 58: 545-554, 1971.
10. Ruiz de Castilla M, Alagón G, Quirita CR. Estudio de parámetros genéticos en alpacas huacaya. En: **Informe de trabajos de investigación en alpacas y llamas de color**, 2: 1-29, 1992.
11. SAS Institute Inc. **SAS/STAT® 9.2 User's Guide, Second Edition**. Cary, NC. 2009.
12. Trillo FC. 2011. Estimación de parámetros genéticos poblaciones pequeñas de alpacas de la raza Huacaya. In: Reunión científica de la Asociación Peruana de Producción Animal APPA, 35, **Memorias**. Trujillo, Perú. 2011.
13. Wuliji T, Davis GH, Dodds KG, Turner PR, Andrews RN, Bruce GD. Production performance, repeatability and heritability estimates for live weight, fleece weight and fiber characteristics of Alpacas in New Zealand. **Small Ruminant Res.**, 37: 189-201, 2000.