



***“ANÁLISIS DE UN POSIBLE CUELLO DE BOTELLA SOBRE LA VARIABILIDAD EN UN NÚCLEO GENÉTICO DE OVINOS PAMPINTA”***

**“Trabajo final de graduación presentado para obtener el título de: Ingeniero Agrónomo”**

**Autores:** Domínguez, Jaqueline Araceli

**Director:** Dr. Maizon, Daniel Omar

**Codirector:** Dra. Gigli, Isabel

**Evaluadores:**

Dr. Paccapelo, Héctor Antonio

Ing. Agr. Zuccari, Abel Esteban

**FACULTAD DE AGRONOMÍA  
UNIVERSIDAD NACIONAL DE LA PAMPA  
SANTA ROSA – LA PAMPA – ARGENTINA  
2018**

## **INDICE**

RESUMEN	3
PALABRAS CLAVES	3
ABSTRACT	4
KEYWORDS	4
INTRODUCCION	5
HIPÓTESIS	9
OBJETIVOS	10
MATERIALES Y METODOS	10
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	13
BIBLIOGRAFIA	20

## **RESUMEN**

La variabilidad genética es un bien muypreciado en la cría de animales. Esto es así pues la mejora genética de una raza depende de la misma. Varios factores hacen que una población pierda varianza genética, entre ellos la consanguinidad es la más destacada. Pero fenómenos como el cuello de botella, una abrupta pérdida de genes, que lleva a una población a una rápida pérdida de variabilidad genética. En la cabaña Pampinta de la EEA Anguil, una serie de circunstancias llevaron a una muy intensa reducción del número de reproductores entre los años 2005 y 2007. Como esto es causante de cuello de botella, el objetivo de la TFG fue evaluar si tal cuello de botella existió y que efectos causó en caracteres reproductivos y productivos de la majada. Se empleó la genealogía de la cabaña y la información contenida en la base de datos de la EEA Anguil para realizar el estudio. Se demostró que hubo un aumento de la consanguinidad a partir del año 2003. Asimismo, que los tamaños efectivos de fundadores y de ancestros disminuyeron a partir del año 2006. Como así también que el cociente entre estos dos últimos, un indicador de cuello de botella, efectivamente tuvo picos en los 2008 y 2012. A su vez, esto se acompañó de pérdida de la varianza genética aditiva para caracteres como peso al nacer y peso al destete para los reproductores luego del año 2007. Todos los cual permite concluir que no sólo hubo un cuello de botella, sino que a su vez causó efectos como lo son la pérdida de varianza. Ciertamente, el fenómeno fue originado por varias causas, aunque se puede indicar que el manejo de los apareamientos, el uso de pocos padres, así como la importante disminución del tamaño de la majada fueron fundamentales en la manifestación del cuello de botella.

## **PALABRAS CLAVES**

Consanguinidad; Variabilidad Genética; Estructura Genética; Pedigrí; Fundadores.

## **ABSTRACT**

Genetic variability is a precious commodity in animal husbandry. This is that because the genetic improvement of a race depends on it. Several factors make a population lose genetic variance, among them consanguinity is the most prominent. However, phenomena such as the bottleneck, an abrupt loss of genes, can lead a population to a rapid loss of genetic variability. A series of circumstances have led to a very intense reduction in the number rams and ewes in the Pampinta flock at the EEA Anguil. As this is one of the causes of a bottleneck, the objective of the TFG was to evaluate whether such a bottleneck existed and what effects it may have caused on the reproductive and productive characteristics of the flock. The flock genealogy and the information contained in the database provided by EEA Anguil were used to accomplish the study. It was demonstrated that there was an increase in consanguinity from the year 2003, that the effective sizes of founders and ancestors decreased from the year 2006, as well as, that the ratio between these last two, which is a bottleneck indicator, had two peaks, one in 2008 and the other in 2012. In turn, this caused a loss of the additive genetic variance for traits such as birth weight and weaning weight in the flock after 2007. Based on these findings, it can be concluded that not only there was a bottleneck, but that consecutively it caused effects such as a loss of genetic variance. Certainly, the phenomenon was multicausal, although it can be indicated that the management of the matings, the use of a very few parents, as well as the considerable decrease in the size of the flock were key in the manifestation of the bottleneck.

## **KEYWORDS**

Consanguinity; Genetic variability; Genetic structure; Pedigree; Founders

## INTRODUCCION

Desarrollada en la Estación Experimental Agropecuaria Anguil (EEA Anguil) del INTA, Pampinta es una raza sintética con mayor adaptación a las condiciones semiáridas de La Pampa en relación a la raza Frisona del Este (*East Friesian*) que le dio origen. Se obtuvo mediante cruzamientos y posterior selección desde los animales cruzas (75% Frisonas del Este y 25% Corriedale) desde fines de los años 70 (Suarez et al., 1998). El resultando es un animal con características lecheras, de carne magra, con rápido crecimiento y elevada prolificidad. Su comportamiento es entonces como raza triple propósito, destinada básicamente a la obtención de carne mediante cruzamiento con otras razas, con muy buena adaptación a diferentes ambientes, tal es así que se la cría desde Salta y Formosa en el norte hasta en Río Negro y Chubut en el sur. Desde los años 90, se comenzó a poner énfasis no sólo en la producción de carne, sino también la producción láctea. Actualmente, es una de las razas empleadas en producción lechera en Argentina. Presenta altos porcentajes de partos dobles y triples. Por lo cual, el manejo es crítico para evitar un alto porcentaje de mortalidad. En la majada experimental de Pampinta criada en la EEA Anguil, el índice de parición se aproxima a 190% en ovejas de 4 dientes o mayores, luego de 45 días de servicio otoñal, con un promedio de 18% de partos simples, 71% de dobles y 11% de triples. Otro aspecto importante de la raza es la precocidad de las borregas, que pueden ser apareadas entre los 7 y 8 meses de edad, dando porcentajes de parición del orden del 135%. Las crías de partos simples presentan más peso al nacimiento y mayores ganancias de pesos en comparación con aquellas provenientes de partos de dobles, triples o cuádruples. Con nacimientos entre 4,5 y 6 kg, se posiciona como una de las razas con mayores pesos al nacimiento. Teniendo en cuenta el rápido potencial de crecimiento, puede llegar, con alimentación natural, a los 90 días a un peso de destete de entre 32 y 35 kg.

El porcentaje de mortandad hasta el destete depende del sistema de producción y las características ambientales, ya que es un animal criado a campo. Análisis realizados en la EEA Anguil arrojaron valores promedios de mortandad del 30% en animales antes del destete (Suarez et al., 1998). Entre las causas de mortandad se han enunciado: inanición; problemas al parto; causas infecciosas; depredación; causas sin determinar y como principal elemento la influencia climática. Entre estas últimas, principalmente lluvias o fríos extremos presentados en momentos como la parición puede conllevar a valores límites de 40% de mortandad. Por el contrario, con manejos y medidas preventivas se puede lograr reducir la mortalidad hasta en un 5% (Suarez y Busetti, 1999).

Estas ovejas, con un manejo característicamente extensivo, tanto en La Pampa como en el resto de la Argentina, se explotan en pequeñas poblaciones. La alta prolificidad las expone aún más al efecto de deriva génica y al incremento en la tasa de endogamia. Todo ello, sin dejar de lado, los procesos selectivos que se experimenta sobre estas poblaciones en búsqueda de un biotipo y producción deseada por quienes las manejan. Se ejerce de este modo, una mayor presión selectiva sobre algunos reproductores, que terminan consolidando los aportes de “genética de calidad” a la majada cada vez más emparentada y conectada genéticamente producto de esas políticas de manejo reproductivo – genético. De parte de este fenómeno, la majada de la EEA Anguil no ha sido ajena.

Para evitar el problema expresado anteriormente o para salir del mismo, las asociaciones de criadores promueven como hábito el uso de reproductores no emparentados, de forma tal que estos incorporen a la majada diversidad genética. Por lo tanto, las cabañas que generan la mejora genética, o sea, son el núcleo donde se realiza la selección, deben controlar con especial atención

la endogamia y propender a la diversidad de sus majadas que luego son la base genética utilizada por el resto de los productores que acuden a ella para la compra de reproductores.

Una de esas cabañas para la raza Pampinta es la de la EEA Anguil. La misma se consolidó, luego del registro de la raza en 1996, como una Cabaña generadora de reproductores tanto para majadas generales y para otras cabañas. Sin embargo, no es el único centro proveedor de reproductores, ya que desde 2005 existe la Asociación Argentina de Criadores de Pampinta. La misma tiene registro de unas 28 cabañas activas a lo largo del país que sumado ha dicho rol.

El objetivo de un buen manejo reproductivo – genético en las cabañas, como así también en cualquier majada, debería ser lograr el balance de las contribuciones de los animales fundadores superiores a lo largo de las distintas generaciones, garantizando así la participación y presencia del material genético de cada uno de ellos. Esto es posible, y no se contradice con el uso de reproductores de excelencia ni con lograr las características deseadas en la majada. Por el contrario, ambos objetivos son posibles, y se potencian, logrando optimizar el número de reproductores y mejorar las características expresadas en los mismos. Lo cual contribuye a una mayor expresión del potencial productivo en la obtención de rédito económico de la actividad. Del mismo modo, no se debe dejar de lado la influencia de la heterogeneidad de clima, suelo y comportamiento social que en mayor o menor medida inciden y condicional el funcionamiento y expresión de las características de la majada. La falta de diversidad y el aumento de la consanguinidad limitarán el progreso genético, evitando cualquier proceso de mejoramiento que se quisiera realizar (Toro et al., 2008).

Para lograr estos objetivos aparecen los análisis de genealogías poblacionales que brindan información objetiva sobre la estructura genética, la variabilidad genética y la endogamia presente en la población bajo estudio. Una población artificialmente generada, como lo es una

majada con fines productivos, requiere arduos y permanentes controles para evitar que los progenitores superiores se apareen con sus propios hijos o nietos, por ejemplo. Se deberá optar por reproducir individuos cuyo parentesco global sea mínimo y descartar aquellos muy relacionados al resto de la población buscando el incremento de la heterosis poblacional (Toro et al., 2008). Por todo ello, en poblaciones pequeñas y cerradas, se recomienda la realización de análisis de pedigrí tanto retrospectivo como prospectivo (Lacy, 1989).

Detenerse a analizar y evaluar información y proyectar puede prevenir o solucionar problemas de consanguinidad de manera temprana, y así disminuir o atenuar las consecuencias negativas que ésta genera en todas las variables productivas y reproductivas de una majada. El efecto cuello de botella es el extremo más difícil de revertir del efecto de la consanguinidad sobre una majada. Consecuencia de una restricción numérica y aleatoria del pool génico se manifiesta con una gran pérdida de diversidad y de material genético de la población que sufre tal problema. Se genera, por lo tanto, una población de individuos altamente emparentados con limitada posibilidad de mejora genética sobre la base de los individuos existentes por falta de variabilidad genética. Trae como consecuencias la aparición de problemas de herencia mendelianas: enfermedades, malformaciones, e incremento en la mortandad, entre otras. Muchas veces, la única forma de solucionar este fenómeno, dependiendo el grado de deterioro de la población, es mediante la incorporación de individuos no emparentados que deberán obtenerse en majadas externas, preferentemente de núcleos registrados oficialmente como productores de la raza, para ampliar el espectro genético existente renovar genéticamente la población (Nicholas, 1987).

Aunque en su mayoría el origen de este fenómeno se encuentra en decisiones y manejo humano, también puede tener origen en hechos catastróficos ambientales. Pueden deberse a inundaciones, o cualquier fenómeno que conlleve a una reducción de la población. Luego esos



individuos continuaran el circuito reproductivo normal con un alto grado de parentesco que se hará aun mayor de generación en generación y desencadenará el cuello de botella.

En consecuencia, para detectar y demostrar el posible uso abusivo de individuos para la reproducción como causa base de un posible cuello de botella se realizan los estudios de genealogía enunciados en párrafos anteriores. Estos permiten, aplicar una política que mantenga la diversidad existente en la majada, aumentarla o inclusive en casos que sea necesario contemplar la posibilidad de disminuir la misma en pos de favorecer la predominancia de alguna característica existente solo en determinado/s individuo/s deseada y relevante productivamente. Se logra entonces, el diseño de planes de mejoramiento genéticos adecuados y ajustados a cada situación y población observada (Lacy, 1989). Para poder realizar estos estudios, no obstante, se requiere del registro minucioso de progenitores y descendencias a lo largo de los años de existencia de la majada. Este registro recibe el nombre de genealogía.

Entre los años 2005 y 2007, en la EEA Anguil se produjo no sólo una drástica reducción de ejemplares de la Cabaña, sino que también se emplearon muy pocos reproductores en los apareamientos de esos años. Este fenómeno debería haber conducido a un cuello de botella, por lo cual, el propósito del presente trabajo es analizar la ocurrencia o no de un cuello de botella entre esos años, y evaluar los posibles efectos del mismo sobre indicadores de importancia reproductiva y productiva en la majada experimental de la EEA Anguil.

## **HIPÓTESIS**

- 1.-** El uso de un reducido número de reproductores machos genera efecto cuello de botella.
- 2.-** El efecto cuello de botella se refleja en:
  - 2.1.-** una menor variabilidad genética en características reproductivas y productivas;

2.2.- el incremento de la mortandad al nacimiento y al destete;

2.3.- la disminución de indicadores reproductivos y productivos de las poblaciones problema.

## **OBJETIVOS**

### ***General***

Estudiar el efecto cuello de botella en el núcleo Pampinta de la EEA Anguil.

### ***Específicos***

- 1.- Realizar un análisis de genealogía de la Cabaña Pampinta de la EEA Anguil, para observar si hubo o no cuello de botella entre los años 2005 y 2007.
- 2.- Analizar la variabilidad genética antes y después de la ocurrencia del cuello de botella.
- 3.- Analizar el impacto del cuello de botella sobre parámetros demográficos con énfasis en la mortandad entre el nacimiento y el destete (90 días).
- 4.- Analizar el impacto del cuello de botella sobre los indicadores productivos y reproductivos de la majada.

## **MATERIALES Y METODOS**

Se empleó la genealogía del núcleo Pampinta de la EEA Anguil, con un total de 14799 crías registradas a partir de partos de 2950 madres apareadas con 320 padres entre los años 1991 y 2014. La genealogía de los ovinos de la EEA Anguil proporcionó para cada individuo nacido información de madre, padre, sexo, tipo de parto, tipo de destete, fecha de nacimiento, peso al nacer, fecha de destete, y peso al destete. Con lo cual desde la misma se puede obtener mediante edición información complementaria tal como mortandades perinatales y hasta el destete.

Desde el punto de vista metodológico, se emplearon índices genealógicos descritos por Boichard et al. (1997) y programados en PEDIG (Boichard, 2002), para analizar la ocurrencia o no de un cuello de botella (CB) en el transcurso de los años 2005 al 2007. Se trabajó con funciones en Excel para generar indicadores y gráficas, y se utilizó R (R Core Team, 2014) para realizar resúmenes estadísticos de las variables analizadas y las pruebas estadísticas correspondientes. Finalmente, las estimaciones de componentes de varianza se realizaron con WOMBAT (Meyer, 2007).

El estudio se dividió en tres etapas: 1ro) edición de la genealogía disponible; 2do) análisis genealógico; 3ro) análisis de los posibles efectos generados por el CB.

En la *primera etapa* consideró las características:

- Número de nacidos por año;
- Número de madres por año;
- Número de padres por año;
- Relación madres / padres; y
- Porcentaje de padres.

Para los nacimientos se consideró como individuo nacido a todo aquel que se le hubiera registrado peso al nacer. Para la cuantificación de madres y padres, primero se identificó cada madre y padre que participo en cada año, esto fue necesario ya que una misma madre puede repetirse varias veces (partos múltiples), y luego se obtuvieron los totales por año.

En la *segunda etapa*, se inició con la estimación del *número equivalente de generaciones conocidas* y el *número de ancestros*. Esto se realizó con el programa PEDIG, y permitió conocer cuantas generaciones hacia atrás hay información completa en la genealogía y el número de ancestros reales. Esto es clave para los análisis de cuello de botella y consanguinidad. Luego, se

realizó el análisis genealógico mediante el uso del programa PEDIG. Se comprobó si efectivamente hubo o no un CB en la población bajo estudio y el año en el cual ocurrió. Para esto se trabajó con el *número efectivo de fundadores (fe)*, el *número efectivo de ancestros (fa)* y la relación entre ellos. Un fundador es un animal de la generación inicial con padres desconocidos, y *fe* es el número de fundadores que contribuyen de manera igual a la presente generación para explicar la diversidad genética encontrada. Como *fe* ignora el efecto CB, entonces se propuso medida alternativa que si toma en consideración la pérdida de variabilidad por CB, la misma se basa en el “mínimo número de fundadores” para explicar la diversidad genética encontrada; a esta medida se la llamó *fa*. Lo interesante, entonces, es que el cociente entre ellos, *fe / fa*, permite identificar cuellos de botella. A su vez, se consideró el *coeficiente de consanguinidad*, la probabilidad que tiene dos alelos en un mismo locus de ser idénticos por descendencia, pues es de gran utilidad para evaluar la evolución de la homocigosidad a lo largo del tiempo. Esta es una muestra de pérdida de variabilidad genética, o sea podría ser el efecto de un CB. Muestra cuanta información genética del acervo total poblacional se comparte entre los individuos analizados. A su vez, se consideró el *número de animales consanguíneos* por año como un indicador que tomando en cuenta el número total de individuos con que se está trabajando puede demostrar que proporción de la majada presenta consanguinidad. Los nacimientos de individuos consanguíneos y su proporción sobre el total de nacimientos se evaluaron como *Relación Consanguíneos / Nacidos*. Muestra la relación de parentesco entre madres y padres en cada año y la dinámica de la majada en los años anteriores para las generaciones sucesivas.

En la *tercera etapa*, se analizó los efectos generados por el CB sobre aspectos reproductivos y productivos de la población bajo estudio. Para ello se recurrió a Excel y a R

(CITAR), según fuera necesario, para generar, estimar, o comparar estadísticamente variables, tales como:

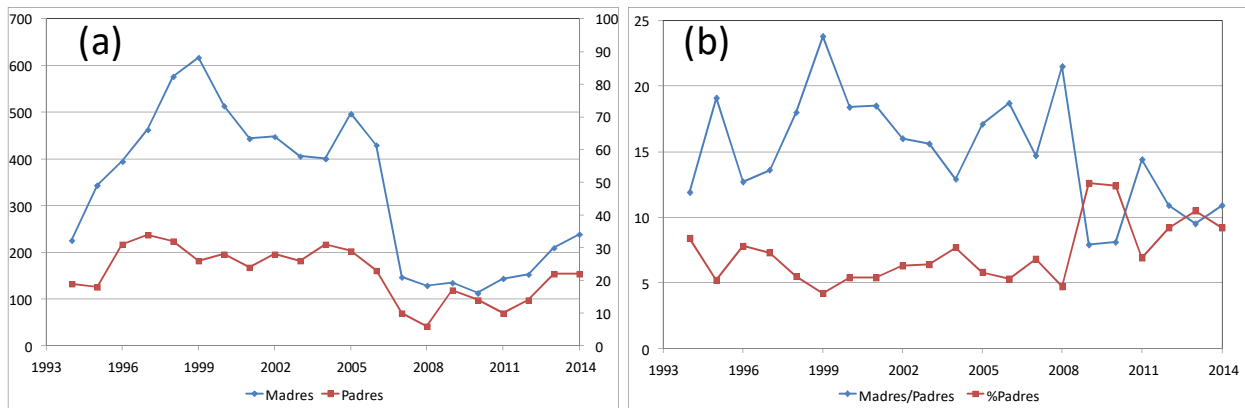
- Tipo de parto;
- Mortalidad Perinatal y hasta el Destete;
- Prolificidad;
- Precocidad;
- Peso al Nacer (PN) y al Destete (PD90): sus medias y varianzas genéticas y fenotípicas.

El tipo de parto, se consideró simple ó múltiple para el análisis. Para las mortalidades perinatales se consideró tipo de parto y número de corderos identificados, y para la mortandad hasta el destete se consideró la diferencia entre individuos registrados al nacer y los efectivamente destetados. Para prolificidad se usó el tipo de parto por madre y para precocidad se estableció la proporción de borregas que parieron alrededor del año en relación a las contemporáneas que parieron en el próximo año. Estos se estimaron para la serie 1994 a 2014, pero para la comparación de los efectos del cuello de botella, se tomaron dos bloques: 7 años previos al CB y 7 años posteriores al mismo, a fin de evidenciar la presencia o no de los efectos del CB en las mismas. Para PN y PD90, o sea el peso al destete ajustado a 90 días de edad, se estimaron componentes de varianza, varianzas genéticas aditivas y fenotípicas, empleando el programa WOMBAT (Meyer, 2007). En función de la comparación estadística de ambos bloques, se concluyó sobre el efecto general del cuello de botella en la población.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En número de nacimientos por año varió según el número de madres entre 184 en 2010 y 1009 en 1999; en **Figura 1 (a)**, se ven el número de madres y padres, y en **Figura 1 (b)** la

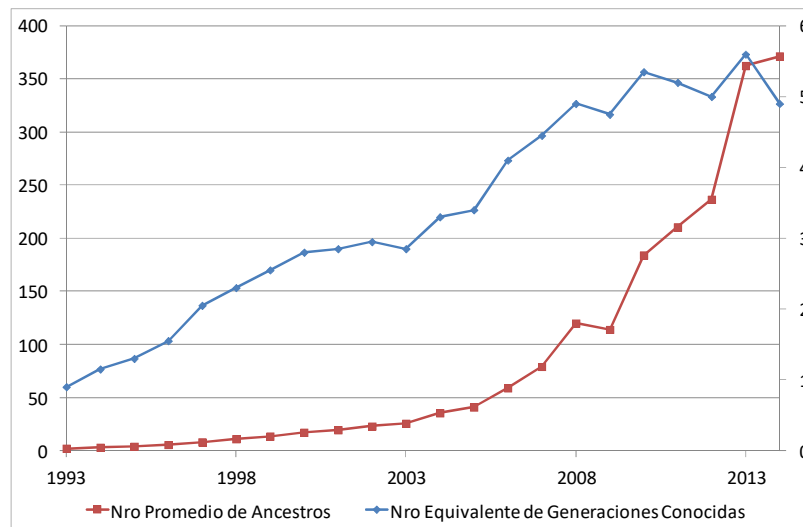
relación madres / padres y el porcentaje de padres empleados (b) como reproductores entre 1994 y 2014. Los resultados muestran una drástica reducción del *número de madres* y, consecuentemente, del *número de nacimientos* entre el año 2006 y 2007. Se pasó de 470 a 179 madres, una reducción del 62%. La *relación padre/madre* cambió recién en 2008, con un alto número de hembras por padre producto del bajo porcentaje de padres empleado. Se puede destacar ambos fenómenos son poco propicios para mantener la diversidad genética de la cabaña, primero ocurrió una fuerte reducción del censo efectivo de animales y luego una reducción del número de padres empleados.



**Figura 1.** (a) Número de madres (eje izquierdo) y padres (eje derecho) y (b) relación entre el número de madres y de padres, y porcentaje de padres empleados anualmente reproductores de la genealogía Pampinta de la EEA Anguil entre los años 1993 y 2014.-

El *número de generaciones equivalentes conocidas*, como se ve en la **Figura 2**, subió desde el inicio de los registros genealógicos en 1991 hasta el presente, llegando a un total de casi 6 generaciones. Esto es regular en relación a otras poblaciones, con lo cual se puede concluir que la genealogía no fue muy completa. Sin embargo, la misma resultó suficiente para realizar las

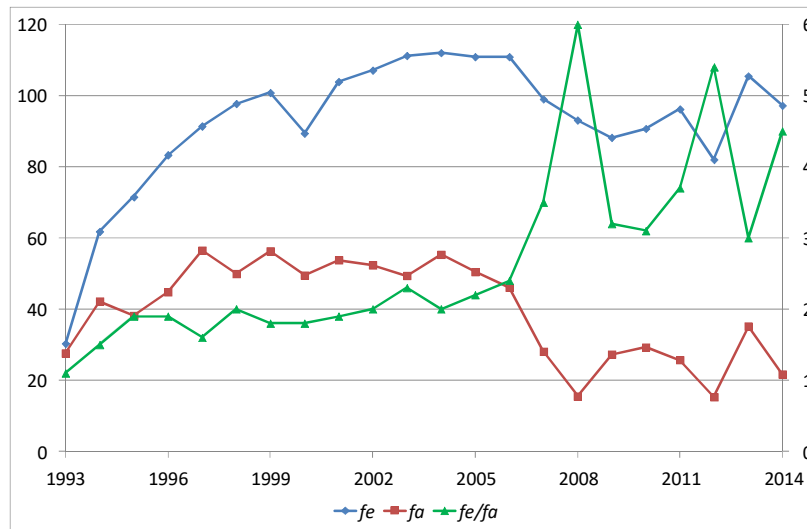
estimaciones de consanguinidad, y obtener las tendencias de su incremento. En estudios efectuados en rodeos con pedigrís completos en mayor o menor medida, Cassell et al. (2003) corroboraron que los mejores resultados se obtienen en tanto mayor fue la información disponible. Además, se nota que el número de ancestros reales creció mucho luego del año 2008, siendo el principal motivo una mejora de los registros de padre y madre.



**Figura 2.** Evolución del *número promedio de ancestros* reales (eje izquierdo) y *número de generaciones completas conocidas* (eje derecho) para los ovinos Pampinta de la EEA Anguil para el período 1993-2014.-

En la **Figura 3** se observan el número efectivo de fundadores (*fe*) y de ancestros (*fa*), y la relación entre ambos (*fe/fa*). Se observa claramente que tanto *fe* como *fa* disminuyen luego del año 2006, y claramente la relación *fe/fa* indica un pico en 2008 que indicaría un CB de intensidad, y luego en 2012 se observa otro más. Si bien en el caso del primer CB hay dos desencadenantes, la reducción del tamaño de la población (sólo 129 madres) asociado al bajo número de padres (4.7%), en el segundo CB a pesar de una mayor proporción de padres (9.2%) el tamaño de la población continuaba siendo chico y el fenómeno de CB suele ser cíclico si no

aumenta el tamaño de la población o se incorporan animales no relacionados con los que han atravesado el CB. Se pudo establecer que en 2007 se inició un CB que se expresó claramente en 2008, y tuvo otro pico en 2012 ante la falta de aumento de tamaño poblacional y la no incorporación de recursos genéticos nuevos.

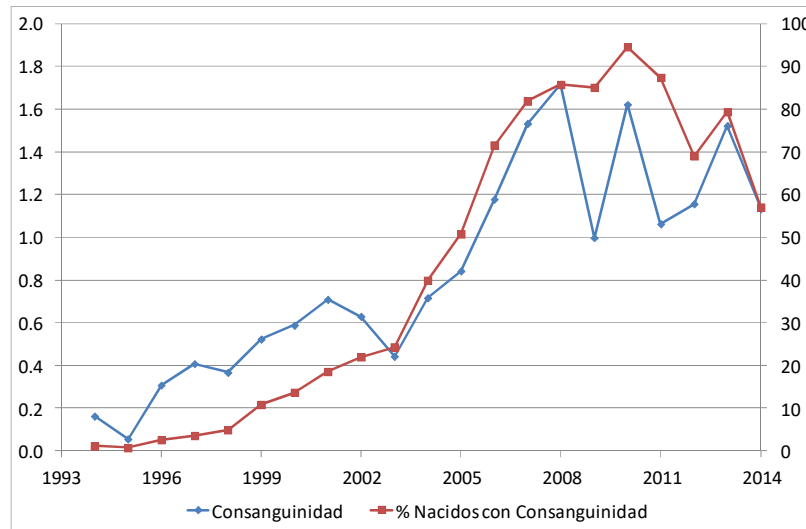


**Figura 3.** Evolución del número efectivo de fundadores (*fe*) y de ancestros (*fa*), y la relación entre ambos (*fe/fa*), en eje derecho, para los ovinos Pampinta de la EEA Anguil para el período 1993-2014.-

La consanguinidad promedio por año fue muy baja, como se observa en la **Figura 4**, la misma no superó el 2%. Esto, sin embargo, podría estar relacionado con la falta de una genealogía completa. Se observa un incremento muy marcado entre 2005 y 2008, y que desde el momento del CB, donde tiene su máximo 1.7%, la misma comenzó a oscilar alrededor del 1.3% con tendencia a estabilizarse. Es indudable, que el costo de ser una población cerrada y pequeña – nótese que el tamaño efectivo de ancestros pasó de alrededor de 50 a oscilar entre 20 y 30 luego del CB– lo pagó en la cantidad de individuos con algún grado de consanguinidad, en 2010 casi el 95% de los registros de nacimiento lo fue con algún grado de consanguinidad (ver **Figura 4**). En

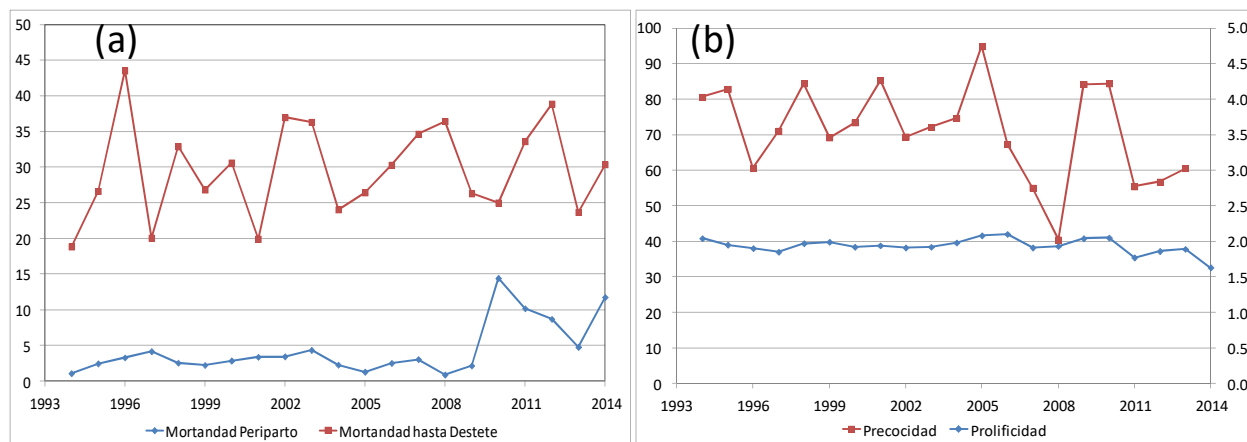


función de lo observado, se considera que el punto de inicio del cuello de botella estuvo entre 2006 y 2007, por lo cual las comparaciones se realizaron entre los años 1999 a 2006 con 2007 a 2014.



**Figura 4.** Evolución de la consanguinidad (eje izquierdo) y del porcentaje de ovinos nacidos con algún grado de consanguinidad (eje derecho) para los ovinos Pampinta de la EEA Anguil para el período 1993-2014.-

Al observar la mortandad periparto, ver **Figura 5(a)**, se observa un incremento importante entre los años 2009 y 2010, y luego vuelve a bajar. En tanto que la mortandad hasta el destete parece oscilar entre 25% y 35%, sin mostrar ningún patrón. En relación a la prolificidad, ver **Figura 5(b)**, se nota que la misma estuvo contante alrededor de 2 crías por madre hasta el año 2010 y luego comenzó a bajar, en tanto que la precocidad presentó un abrupto descenso entre 2005 y 2008.



**Figura 5.** En (a) la evolución de la mortandad periparto y hasta el destete, y en (b) la precocidad (eje izquierdo), y la prolificidad (eje derecho) para los ovinos Pampinta de la EEA Anguil para el período 1993-2014.-

**Tabla 1.** Comparación de las estimaciones de las medias para las variables proporción de partos simples, mortandad perinatal y hasta destete, prolificidad, precocidad, peso al nacer y al destete ajustado a 90 días de edad para los ovinos Pampinta de la EEA Anguil nacidos entre los períodos de años 1999-2006 y 2007-2014.-

Variables	Medias		p-valor
	1999-2006	2007-2014	
Proporción partos simples	0.21	0.32	0.0276
Mortandad perinatal	2.8	7.0	0.0481
Mortandad hasta destete	29	31	0.4617
Prolificidad	2.0	1.9	0.1139
Precocidad	76	62	0.0863
Peso al Nacer	5.5	5.1	0.0015
Peso al Destete (ajustado a 90 d)	32.0	26.5	0.0226

En **Tabla 1** se observan las estimaciones de las medias para las variables proporción de partos simples, mortandad perinatal y hasta destete, prolificidad, precocidad, peso al nacer y al destete ajustado a 90 días de edad para los ovinos Pampinta de la EEA Anguil nacidos entre los períodos de años 1999-2006 y 2007-2014. Estas comparaciones dan una idea de lo que ocurrió en la performance de la población antes y después del cuello de botella. Se observaron cambios que

fueron en detrimento de la productividad de la majada. Así aumentaron la proporción de partos simples y la mortandad perinatal de manera significativa, y disminuyeron la precocidad, el peso al nacer y al destete ajustado a 90 días de edad, estos últimos dos de manera significativa. Sin embargo, los mismos no son conclusivos del efecto de cuello de botella sobre la performance, y posiblemente debería analizarse una serie mayor de registros. En cambio, la reducción en varianza genética aditiva que se observó, ver **Tabla 2**, en la población después del cuello de botella en relación a la misma antes del mismo si sería evidencia de una importante pérdida de variabilidad genética producto del cuello de botella. A su vez, también se observó una pérdida de variabilidad fenotípica en PD90, que posiblemente indique una menor capacidad para reaccionar al ambiente.

**Tabla 2.** Varianza genética aditiva y fenotípica para las variables peso al nacer (PN) y peso al destete ajustado a los 90 días de edad (PD90) en ovinos Pampinta de la EEA Anguil nacidos en los períodos 1999-2006 y 2007-2014.-

Varianza	Genética Aditiva		Fenotípica	
	PN	PD90	PN	PD90
1999-2006	0.25	8.7	0.89	42.6
2007-2014	0.11	5.9	0.86	26.5
% de cambio	46	67	96	62
p-valor	0.0001	0.0245	0.4283	0.0091

Tomando en consideración que se observó un incremento de consanguinidad, con inicio en el año 2003, y un importante incremento de la tasa de consanguinidad en los años 2005 y 2006. Además, una caída real de los tamaños efectivos de fundadores (*fe*) y de ancestros (*fa*) desde el año 2006, con picos en 2008 y 2012 para la relación *fe* / *fa*. Hubo, a su vez, una importante disminución de la varianza genética aditiva para PN y PD90 entre los reproductores empleados desde el año 2007. Todos los resultados observados en las variables analizadas

permiten concluir que efectivamente existió un cuello de botella en la majada de la EEA Anguil entre los años 2005 y 2008. El mismo seguramente fue tuvo varias causas, pero el manejo de los apareamientos, la fuerte reducción de tamaño de la población, y el uso de un número muy reducido de padres deben haber jugado un rol central en el desencadenamiento del cuello de botella.

## **BIBLIOGRAFIA**

- Boichard D, Maignel L, Verrier E. 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Jornal Genetic Selction. Evol.* 29: 5-23.
- Cassell BG, Adamec V, Pearson RE. 2003. Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jerseys. *J. Dairy Sci.* 86:2967–2976
- Lacy R. 1989. Analysis of Founder Representation in Pedigrees: Founder Equivalents and Founder Genome Equivalents. *Zoo Biology. Evol* 8: 111-123.
- Meyer K. 2007. WOMBAT—A tool for mixed model analyses in quantitative genetics by restricted maximum likelihood (REML). *J. Zhejiang Univ. Sci. B* 8: 815H821.
- Nicholas FW. 1987. *Veterinary Genetics*. Oxford Science Publications, pp. 580.
- R Core Team. 2014. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <http://www.R-project.org/>
- Suarez V, Buseti M, Ortellado Real M, Babinec F, Garriz C, Silva Colomer J, Talmon G. 1998. Características productivas de la raza ovina Pampinta. *Therios*, 2, 7, 142: 195-203
- Suarez V, Buseti M. 1999. Lechería ovina y aptitud lechera la raza Pampinta. *Divulgación Técnica (INTA-Anguil)*, N° 63, 61 p. (Cuadernillo de divulgación).
- Toro MA, Caballero A, Fernández J. 2008. Mejora Genética y Gestión de Poblaciones Pequeñas. XIV Reunión nacional de mejora genética animal. Sevilla (España), pp. 25.