

ARTÍCULO

Efecto de la consanguinidad sobre peso al nacimiento y peso de vellón en una población de alpacas

Jorge VILELA^{1*}

¹ Universidad Peruana Cayetano Heredia

* jorge.vilela.v@upch.pe

Aceptado para publicación: 15 de Mayo de 2016



Effects of inbreeding on birth weight and fleece weight in a population of alpacas

ABSTRACT

Nowadays, information about inbreeding in alpacas from pedigree information to monitoring genetic progress of selection programs, inbreeding depression on productive traits or genetic variability for conservations strategies, are scarce. The aim of this research is to determinate inbreeding coefficients and the effect of inbreeding on birth weight and fleece weight in a population of alpacas. To determinate these parameters, data from 12,493 individuals born from 1999 to 2012 in Mallkinis' Farm - MICHELL Group, in Puno, Perú, were analyzed and processed with Pedigree Viewer and the program ENDOG 4.8. Statistical analysis was made with SAS. Average inbreeding coefficients was 0.1654% for the whole population. Only 1.097% alpacas had inbreeding coefficients greater than 0, with a minimum value of 1.56 % and a maximum of 25%. The effect of 1% of inbreeding results in -0.00418 Kg and -0.01107 Kg for birth weight and fleece weight, with $p= 0.530$ and $p= 0.002$, respectively. Also, the average increase of inbreeding coefficients by generation was less 1% (0.23%). The results show that the inbreeding in this population is present in a smaller extent. Nevertheless, the effect of inbreeding depression in birth weight is no statistically significant but fleece weight it is. It is important to get more genealogical information for a better estimation of inbreeding coefficients and its effect on productive traits in alpacas.

RESUMEN

En la actualidad, información acerca de consanguinidad en alpacas, a partir de información de registro genealógico, para el monitoreo del progreso genético de programas de selección, depresión consanguínea sobre caracteres productivos o variabilidad genética para estrategias de conservación, son escasos. El objetivo de esta investigación es determinar los coeficientes de consanguinidad y el efecto de la consanguinidad sobre peso al nacimiento y peso de vellón, en una población de alpacas. Para determinar estos parámetros, una base de datos de 12,493 individuos nacidos entre 1999 y 2012 en el fundo Mallkini del grupo MICHELL, en Puno, Perú, fue analizado y procesado con el programa Pedigree Viewer y ENDOG 4.8. Para el análisis estadístico de los resultados, se usó el paquete estadístico SAS. El coeficiente de consanguinidad promedio fue de 0.1654%, para toda la población. Solo 1.097% de las alpacas tuvieron un coeficiente de consanguinidad mayor a 0, con un valor mínimo de 1.56% y un máximo de 25%. El efecto de 1% de consanguinidad resulta en -0.00418 Kg y -0.01107 Kg para peso al nacimiento y peso de vellón, con valores de $p= 0.530$ y $p= 0.002$, respectivamente. Además, se observó un incremento promedio del coeficiente de consanguinidad en la población menor a 1% por generación (0.23%). Estos resultados muestran que la consanguinidad en esta población es muy baja y el incremento de la consanguinidad es menor al 1%, lo cual es bajo. No obstante, el efecto de la depresión consanguínea sobre peso al nacimiento no es estadísticamente significativo pero para peso de vellón si los es. Es importante contar con mayor información genealógica para una mejor estimación de coeficientes de consanguinidad y su efecto sobre caracteres productivos en alpacas

INTRODUCCIÓN

La producción animal en el altiplano peruano está basada en la crianza de Camélidos Sudamericanos (CSA). Esta constituye la mayor actividad para el sustento de las familias en la región altiplánica del país. Sin embargo, el sistema de producción actual utilizado por la mayoría de productores tiene muchas deficiencias de manejo tecnificado lo que trae como consecuencia la disminución de la productividad debido a una alta tasa de mortalidad de las crías y bajo peso al nacimiento, entre otros factores. Además, dentro de los múltiples factores que influyen en la producción en CSA, está el sistema de empadre que se utiliza, el cual, si no es adecuado, podría traer como consecuencia un incremento de los niveles de consanguinidad en la población, el cual podría generar descendencia con problemas congénitos y/o disminución de los valores genéticos.

En la actualidad, son escasos los estudios sobre los niveles de consanguinidad individual en una población de alpacas, que nos permitan estimar la magnitud del efecto del incremento de estos índices de consanguinidad en los caracteres productivos, a fin de optar medidas correctivas respectivas. Por esta razón, considerando la gran importancia de lograr mayor productividad sostenible en la crianza de CSA, principalmente en alpacas, el estudio de los efectos de la consanguinidad sobre caracteres productivos es relevante; por consiguiente, la presente investigación estuvo dirigida a evaluar el efecto de la consanguinidad sobre el peso al nacimiento de las crías y el peso de vellón de las alpacas.

En el caso de peso al nacimiento su importancia radica en la sobrevivencia de las crías que tienen mejor peso, reduciendo la probabilidad de la mortalidad pre-destete, lo cual se traducirá posteriormente en mayor tasa de crías logradas al destete, cantidad de vellones y animales para saca. El peso de vellón es uno de los caracteres más importantes desde el punto de vista de los productores, ya que la fibra que se vende en la industria textil, está en función del peso de vellón sucio, lográndose un valor extra si este tiene diámetro de fibra menor. Por ello, un aumento en el peso de vellón sucio se traduce inmediatamente en mayores ingresos para el productor, aunque este puede estar afectado por no solamente aspectos de manejo como momento óptimo de la esquila y la esquila propiamente dicha, sino también por factores genéticos que puedan afectar de manera más duradera la producción del hato.

Considerando lo mencionado anteriormente, para el desarrollo de este estudio se tiene como objetivo principal estimar el efecto de los coeficientes de consanguinidad individual sobre el peso al nacimiento y peso de vellón de una población de alpacas. Además, como objetivos específicos se tienen los siguientes: a) Determinar los coeficientes de consanguinidad individual, b) Evaluar la tendencia de la consanguinidad en la población, c) Determinar el intervalo generacional y d) Cuantificar la depresión consanguínea que existe para peso al nacimiento y peso de vellón.

METODOLOGÍA

Animales y base de datos

Se utilizó los registros de nacimientos, del fundo Mallkini de la empresa MICHELL S.A., ubicada en el distrito de Muñani, Provincia de Azángaro, Departamento de Puno, de 12493 alpacas desde el año 1999 hasta el 2012. Esta cantidad, fue el resultado de un proceso de edición de la información en donde se eliminó información de animales sin identificación, doble identidad (el mismo animal nacido en dos periodos diferentes), bisexuales (considerados a aquellos que aparecían como machos y hembras, al mismo tiempo), y con número de identificación no entendible o dudoso.

Toda la información fue editada y corregida con herramientas de trabajo del archivo de Excel con extensión .xlsx. Luego de procesada la información esta fue guardada en un archivo Excel con extensión .csv, para obtener de manera ordenada toda la información de cada animal, desde el primer fundador hasta el último descendiente. Uso de protocolos o cuidado de los animales no fueron necesarios debido a que esta investigación se realizó mediante un estudio observacional y fue realizada con información de genealogía y registros productivos de la empresa.

Diseño Experimental

El diseño se basa en un estudio observacional.

Para la estimación del efecto de la consanguinidad sobre el peso de vellón y peso al nacimiento, se usó un modelo lineal con efectos fijos y variables como se detalla a continuación:

Modelo lineal con efectos fijos y variables para efecto de la consanguinidad sobre peso al nacimiento:

$$Y_{ijklmn} = u + S_i + R_j + E_k + A_l + H_m + Fx_n + e_{ijklmn}$$

Y_{ijklmn} = Peso al nacimiento (kg) del animal de sexo i , de la raza j , del año l y punta m .

u = Efecto constante de la media poblacional

S_i = Efecto del sexo i ; ($i=1,2$)

R_j = Efecto de la raza j ; ($j=1,2$)

E_k = Edad de la madre del j – ésimo animal (años)

A_l = Efecto del año de nacimiento k ; ($l=1,2,3,4,5,6,7,8$)

H_m = Efecto de la punta m ; ($m=1,2,3,4$)

Fx_n = Coeficiente de consanguinidad estimado del m -ésimo animal (%)

e_{ijklmn} = efecto residual aleatorio

Modelo lineal con efectos fijos y variables para efecto de la consanguinidad sobre peso de vellón:

$$Y_{ijklm} = u + S_i + E_j + H_k + R_l + Fx_m + e_{ijklm}$$

Y_{ijklm} = Peso de vellón (Kg) del animal de sexo i , de la punta k , de la raza l .

u = Efecto constante de la media poblacional

S_i = Efecto del sexo i ; ($i=1,2$)

E_j = Edad al momento de la esquila del j – ésimo animal. (Días)

H_k = Efecto de la punta k ; ($k=1,2,3,4$)

R_l = Efecto de la raza l ; ($l=1,2$)

Fx_m = coeficiente de consanguinidad estimado del m -ésimo animal (%)

e_{ijklm} = efecto residual aleatorio

Softwares para el cálculo de coeficientes de consanguinidad

Pedigree Viewer

El programa Pedigree Viewer (Kinghorn y Kinghorn, 2010), fue creado por Brian y Sandy Kinghorn (Australia) y esta disponible gratuitamente en el siguiente enlace: <http://www-personal.une.edu.au/~bkinghorn/>

El programa corre en los sistemas operativos Microsoft Windows, XP, Vista y Windows 7. La estructura de la información es almacenada en block de notas con extensión .txt para que pueda ser ingresada al programa y comenzar el ordenamiento de todos los individuos, para la posterior estimación de los coeficientes de consanguinidad.

Una vez ordenada la base de datos y estimados los coeficientes de consanguinidad de cada individuo, se puede observar en pantalla la disposición de las generaciones una tras otra, desde el primer antecesor hasta el último. Los resultados pueden ser mostrados

también en formato Excel con extensión .csv y en block de notas con extensión .txt.

Endog

ENDOG 4.8 es un programa computacional de genética de poblaciones que conduce muchos análisis demográficos y genéticos sobre la información del pedigrí y puede descargarse gratuitamente mediante el siguiente enlace: <http://www.ucm.es/info/prodanim/html/>

ENDOG ha sido escrito en lenguaje VisuaBasic™ y corre en plataforma de versiones Windows 95/98/2000/NT/XP. Las funciones primarias llevadas a cabo con ENDOG son la computación de coeficientes de consanguinidad individual mediante el algoritmo propuesto por Luo (1992) y coeficientes de parentesco promedio. ENDOG también computa para cada individuo el número de generaciones rastreadas, máximo número de generaciones rastreadas y la generación equivalente completas de cada animal (Gutiérrez y Goyache, 2005; Gutiérrez et al., 2003)

Calculo de parámetros

Coefficientes de consanguinidad y parentesco

Para el cálculo de coeficientes de consanguinidad mediante ENDOG 4.8, se usó el algoritmo de Meuwissen y Luo (1992) y para el promedio de parentesco el algoritmo de Colleau (2002) (Gutiérrez y Goyache, 2005).

Generaciones equivalentes completas

Para el cálculo de número de generaciones equivalentes completas para cada individuo se usó la siguiente fórmula:

$$t_i = \sum \left(\frac{1}{2}\right)^n$$

Donde n es el rango de generaciones de un determinado ancestro (1= padres, 2= abuelos y así sucesivamente) y la sumatoria computada en todos los ancestros conocidos de i (Danchin-Burge et al. 2010; McParland et al., 2007).

Calculo de la depresión consanguínea

Luego de obtenido todo el pedigrí de la población se tomó en cuenta la información solo de los animales que presentaron al menos 2 generaciones equivalente completas, para el cálculo de depresión consanguínea. Esto dio como resultado 1343 alpacas con generaciones equivalentes completas entre 2.00 y 3.19. Luego mediante el uso de SAS, se realizó el análisis mediante un modelo lineal.

Análisis estadístico

Para el análisis de la información mediante un modelo lineal, se usó el software SAS (Statistical Analysis System) versión 8 de SAS System para Windows, Copyright© 1999, SAS Institute Inc, Cary, NC, USA. Se consideraron los efectos fijos de sexo, raza, punta y año de nacimiento para peso al nacimiento; y sexo, raza y punta para peso de vellón. Todos estos como variables de clase. Para peso al nacimiento se incluyó la edad de la madre y el coeficiente de consanguinidad individual como variables continuas del modelo lineal. Para peso de vellón se incluyó los días a la primera esquila y el coeficiente de consanguinidad como las variables continuas. Se consideró como efecto negativo relevante de la consanguinidad cuando el peso al nacimiento y el

peso del vellón, tenían una disminución en más de 2% del promedio para ambos caracteres, por cada 1% de consanguinidad individual. Para el cálculo de diferencias significativas de los parámetros estimados se usó un $p < 0.05$.

RESULTADOS

Estructura de la población y pedigrí

La base de datos utilizada en la presente investigación consta de 12493 alpacas, de los cuales, 637 fueron padres y 3744 fueron madres. El máximo tamaño familiar paternal es de 132 y el máximo tamaño familiar maternal es de 16 individuos. La mayor cantidad de alpacas que fueron madres (29.97%) en comparación a la de los padres (5.10%), es de esperarse por el sistema de manejo reproductivo que se usa en esta especie, que es el empadre controlado estacional. El máximo tamaño familiar paternal indica un padre o madre que tuvo mayor progenie en su vida reproductiva. En la Figura 1 se observa la proporción de progenitores conocidos en todo el pedigrí hasta la generación de abuelos.

Coefficientes de consanguinidad individual

En toda la población se observó solo 1.1% de animales consanguíneos. Esto puede ser debido principalmente a la poca profundidad del pedigrí encontrado, ya que, en el cálculo de coeficientes de consanguinidad, mientras más información se pueda encontrar de los antecesores, mas oportunidad habrá de hallar coeficientes de consanguinidad mayores a cero. En esta población, solo existe un 80% de padres conocidos y hasta 42.79% de abuelos conocidos, por parte de línea paterna. En el caso de hembras los porcentajes son aun menores (Figura 1).

Dentro de los animales consanguíneos, existe en promedio un coeficiente de consanguinidad de 15%, siendo esto explicado principalmente por el empadre entre medios hermanos y entre padres e hijos, aunque en toda la población estos empadres se presentan en una proporción muy baja (menos de 1%). Según el Cuadro 1, en las generaciones 1 y 2 no se encuentran animales consanguíneos, pero en las generaciones 3, 4 y 5 los coeficientes de consanguinidad aumentan en el tiempo. Esto es de esperarse debido a que conforme aumenta la información en el tiempo, los coeficientes de consanguinidad son mayores. Sin embargo, entre las generaciones consanguíneas los coeficientes tienden a disminuir.

Figura 1.

Porcentaje de ancestros conocidos en todo el pedigrí hasta dos generaciones anteriores

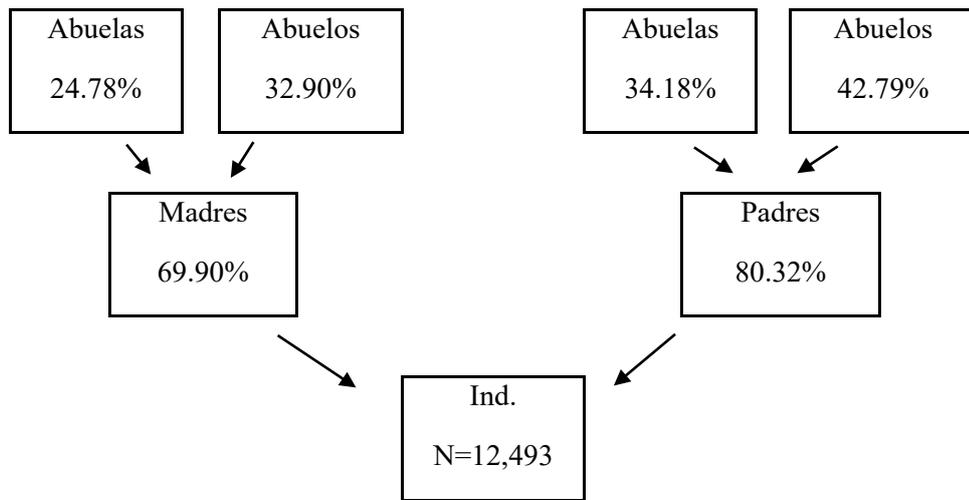
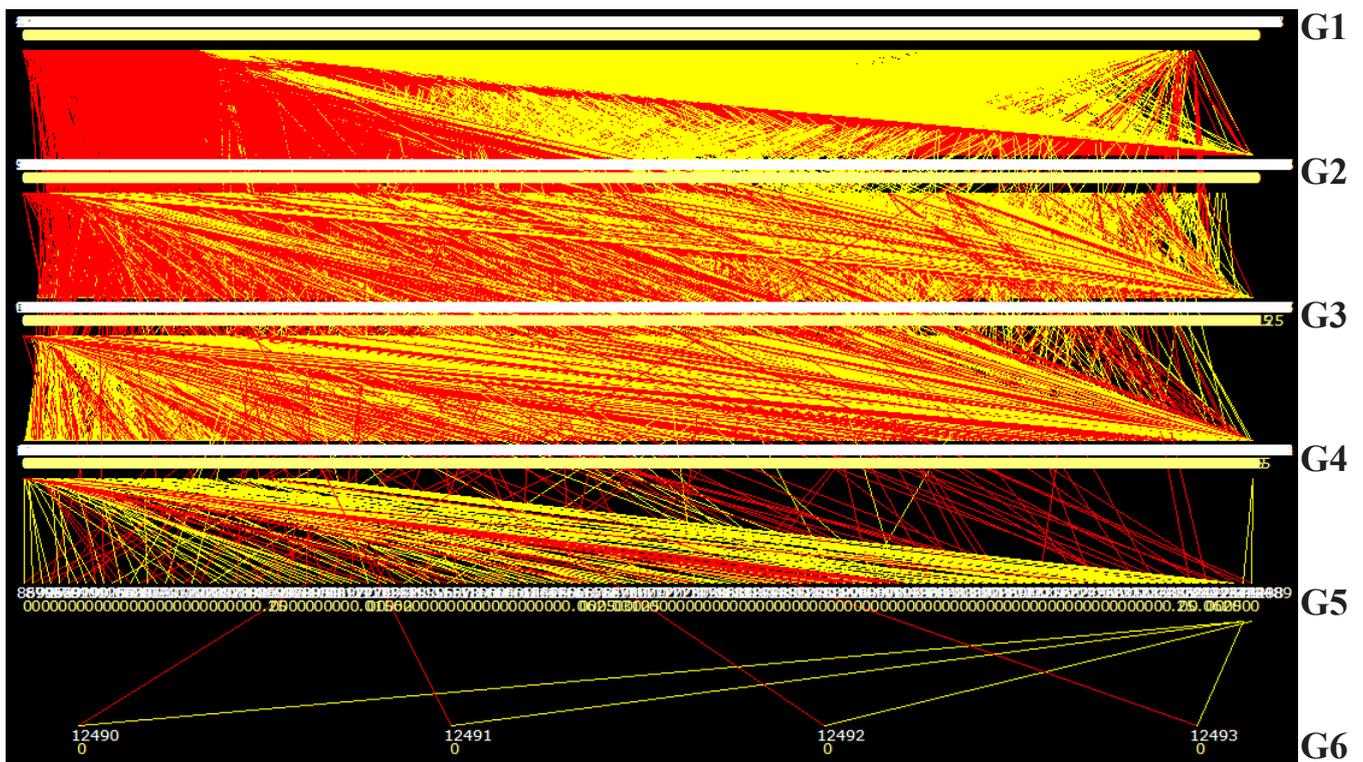


Figura 2.

Diagramación del pedigrí completo, denotado por flechas rojas como la línea paterna y flechas amarillas como la línea materna, en seis generaciones máximas (G1-G6). En la sexta generación (G6) se observan solo 4 alpacas por sobre posición de generaciones.



Existe un promedio de generaciones equivalentes de 1.14 en toda la población, sin embargo, para la estimación de depresión consanguínea solo se tomaron en cuenta las alpacas con al menos dos generaciones equivalentes, encontrándose hasta 3.1875 generaciones equivalentes. Debido a la gran cantidad de individuos con valores de consanguinidad cero, las generaciones equivalentes permiten separar aquellos individuos con un valor de cero debido a la falta de información del pedigrí, de los individuos que, si tienen valor de cero, pero con algún porcentaje del pedigrí conocido.

Análisis de varianza de los modelos lineales propuestos.

Para la estimación de componentes de varianza de cada variable se usó el método de máxima verosimilitud restringida (REML). Para el cálculo de los estimados de los parámetros de cada variable se usó el comando PROC GLM del sistema estadístico SAS.

Para peso al nacimiento

Para el modelo se consideraron al sexo, año de nacimiento, raza y punta como clases de los efectos fijos del modelo lineal. La edad de la madre y el coeficiente de consanguinidad son las variables continuas que se incluyen como variables explicativas de la variable respuesta.

El modelo lineal es:

$$\begin{aligned} \text{Peso Nac.} = & \beta_0 + \beta_i(\text{Sexo}) + \beta_j(\text{Raza}) \\ & + \beta_k(\text{Edad madre}) \\ & + \beta_l(\text{Año Nacimiento}) \\ & + \beta_m(\text{Punta}) \\ & + \beta_n(\text{Consanguinidad}) \\ & + \varepsilon \end{aligned}$$

Donde β_0 es el parámetro estimado del intercepto; β_i , β_j , β_k , β_l , β_m y β_n , los parámetros estimados de cada variable del modelo y ε el efecto residual

Se realizó el análisis de varianza con $n = 1337$ observaciones obteniendo los resultados (Cuadro 2).

Para peso de vellón

Para este carácter se consideraron a la raza, sexo y punta como clases de los efectos fijos del modelo lineal. Los días a la primera esquila y el coeficiente de consanguinidad son las variables continuas que se incluyen como variables explicativas de la variable

respuesta. El modelo lineal es:

$$\begin{aligned} \text{Peso vellón} = & \beta_0 + \beta_i(\text{Raza}) + \beta_j(\text{Sexo}) \\ & + \beta_k(\text{Punta}) \\ & + \beta_l(\text{Días 1}^{\text{ra}} \text{ esquila}) \\ & + \beta_m(\text{Consanguinidad}) \\ & + \varepsilon \end{aligned}$$

Donde β_0 es el parámetro estimado del intercepto; β_i , β_j , β_k , β_l y β_m , los parámetros estimados de cada variable del modelo y ε el efecto residual.

Se realizó el análisis de varianza con $n = 1337$ observaciones obteniendo los siguientes resultados:

Depresión consanguínea

Para la población en estudio, se encontró un promedio y desviación estándar para los coeficientes de peso al nacimiento y peso de vellón de 6.93 ± 0.12 Kg y 1.76 ± 0.31 Kg, respectivamente (Cuadro 4).

DISCUSION

Estructura de población y pedigrí.

Se encontró una población base de 3842 alpacas, pero la población de referencia está basada en los individuos con ambos padres conocidos, siendo esta de 8651. El promedio de generaciones equivalentes es de 1.14, siendo esta muy baja, debido principalmente a la falta de información de antecesores de la mayoría de individuos. La consanguinidad promedio en toda la población es de 0.17% siendo incluso más bajo que los encontrados en ganado vacuno criollo colombiano, entre 0.18% y 1.22% y los encontrados en ganado Guzerat con un promedio de 1.75% (Panetto et al., 2010).

Este bajo valor puede ser debido al uso del empadre controlado como programa de reproducción, el cual reduce en forma efectiva los niveles de consanguinidad en la población, en comparación a la inseminación artificial, sin necesariamente sacrificar el progreso genético, aunque no debe descartarse que solo el uso de animales seleccionados, usando inseminación artificial o transferencia embrionaria, puede incrementar el progreso genético (Kuehn et al., 2008), e incluso mediante el uso del apareamiento por mínima coancestría (Caballero et al., 1996). Sin embargo, debe de tomarse en cuenta que este resultado es determinado solo en base a la información del pedigrí obtenido hasta el 2012, pudiendo ser incluso mayor, aunque improbable que supere estos valores referenciales.

Cuadro 1.

Individuos (N), consanguinidad promedio (F), individuos consanguíneos (N_F) y promedio de consanguinidad dentro de individuos consanguíneos (F_N) para cada generación, en %

Generación	N	F	N _F	F _N
1	2378	0	0	0
2	3860	0	0	0
3	4079	0.32	1.89	16.72
4	2032	0.35	2.66	13.19
5	140	0.48	4.29	11.20
6	4	0	0	0

Cuadro 2.

Parámetros estimados "β", resultado de la prueba estadística "t", significancia de cada nivel de los efectos fijos (p>|t|) y prueba estadística "F" para cada efecto fijo del modelo propuesto para peso al nacimiento.

Variable	Niveles	Estimado (β)	Error Estándar	t value	p > t	p > F
Raza	1	-0.09307	0.2675	-0.35	0.7280	0.7280
	2	0	-	-	-	
Sexo	1	0.06571	0.0584	1.12	0.2609	0.2609
	2	0	-	-	-	
Edad de madre	-	0.2029	0.0161	12.59	<0.0001	<0.0001
Año	1	-1.1182	0.6392	-1.75	0.0805	<0.0001
	2	-0.6212	0.2876	-2.16	0.0309	
	3	0.1005	0.2524	0.4	0.6906	
	4	-0.1579	0.1576	-1	0.3165	
	5	-0.1664	0.1007	-1.65	0.0986	
	6	0.0046	0.0826	0.06	0.9552	
	7	-0.4956	0.0750	-6.6	<0.0001	
	8	0	-	-	-	
Punta	1	-1.0026	0.2670	-3.76	0.0002	0.0018
	2	-0.9691	0.2648	-3.66	0.0003	
	3	-1.0292	0.2660	-3.87	0.0001	
	4	0	-	-	-	
Coef. consanguinidad	-	-0.00418	0.0067	-0.63	0.5319	0.5319

Cuadro 3.

Parámetros estimados "β", resultado de la prueba estadística "t", significancia de cada nivel de los efectos fijos (p>|t|) y prueba estadística "F" para cada efecto fijo del modelo propuesto para peso de vellón.

Variable	Niveles	Estimado (β)	Error Estándar	t value	p > t	p > F
Raza	1	-0.1666	0.1320	-1.26	0.2076	0.2076
	2	0	-	-	-	
Sexo	1	0.1043	0.0312	3.34	0.0009	0.0009
	2	0	-	-	-	
Punta	1	0.1510	0.1325	1.14	0.2553	0.4918
	2	0.1019	0.1303	0.78	0.4347	
	3	0.1396	0.1312	1.06	0.2882	
	4	0	-	-	-	
Días a la 1 ^{ra} esquila	-	0.00220	0.0004	4.85	<0.0001	<0.0001
Coef. consanguinidad	-	-0.01107	0.0037	-3.03	0.0026	0.0026

Cuadro 4.

Promedio y desviación estándar de cada carácter (Prom. \pm Desv. Std), coeficientes de regresión de coeficientes de consanguinidad (β), error estándar de " β " (ES) y su resultado de la prueba de significancia (p), a un intervalo de confianza de 95%, para peso al nacimiento y peso de vellón.

Carácter	Prom. \pm Desv. Std	Coefficientes regresión (β)	ES	p	Intervalo de confianza 95%
Peso nacimiento (Kg)	6.93 \pm 0.12	-0.00418	0.006	0.530	< -0.0173 0.0089 >
Peso vellón (Kg)	1.76 \pm 0.31	-0.01107	0.004	0.002	< -0.0183 -0.0038 >

La tasa de incremento de consanguinidad en la población, corregida por generaciones equivalentes, es de 0.23%, el cual es menor del máximo recomendado por FAO (1998), que es 1% o incluso menor al 0.5% recomendado por Cleveland et al. (2005). Además, en estudios hechos en ovinos Texel, Shropshire y Oxford Down se han encontrado tasas de consanguinidad de 1.0, 1.1 y 1.0 %, respectivamente, estando muy cerca de los niveles máximos permitidos, sin afectar significativamente la ganancia genética de la población (Li et al., 2009).

El máximo coeficiente de consanguinidad encontrado fue de 25% lo cual indica que por razones de manejo o falla en el momento de registrar los empadres, pudo ocurrir el apareamiento de padres con sus hijas o madres con sus hijos, sin embargo, este valor puede ser aún mayor, tomando en cuenta mayor información del pedigrí.

Estos casos de empadres entre parientes, es posible que ocurran tomando en cuenta que el intervalo generacional de las alpacas en esta población es bastante elevado (aproximadamente 6 años), y la sobre posición de generaciones, es de esperarse, ya que las hembras tienen progenie más temprano que los machos, tal como ocurre en ciervos rojos (Marshall et al., 2002), pudiendo criarse en un mismo periodo de tiempo 2 o 3 generaciones en el rebaño, como se aprecia en la Figura 2.

Análisis de varianza de peso al nacimiento y peso de vellón

Peso al nacimiento

Con respecto a los efectos fijos "Raza" y "Sexo", existe evidencia de que los estimados para los parámetros del modelo no son significativos, por lo tanto, no tiene efecto sobre diferencias en el peso al nacimiento de los individuos. Con respecto al efecto del sexo se confirma lo encontrado por García y Leyva (2007), en donde no encontraron efecto del sexo sobre el peso al nacimiento. En lo que se

refiere a raza, no existe un efecto definido sobre el peso al nacimiento, pero una mayor cantidad de datos son necesarios para obtener resultados más concluyentes, ya que, en la población en estudio, la mayoría son de raza Huacaya.

Para el caso del efecto fijo de "Punta", si hay evidencia de la existencia de un estimado del parámetro que es significativo y puede influir en el peso al nacimiento. Esto puede deberse a diferencias en el manejo que existe entre cada punta, quizá debido a diferentes criterios de manejo de cada pastor, condiciones de pastizal donde se alimentan las alpacas o presencia de factores ambientales específicos que afecten el crecimiento de la cría antes del parto y su peso al nacimiento, en la respectiva punta. El efecto que existe en cada punta de manejo es muy similar a lo encontrado en ovinos Merino por Butcher et al. (1964) y Ercanbrack y Knight (1991), dando a entender que su inclusión como factor de variabilidad en el peso al nacimiento, es recomendable.

Para la variable "Edad de la madre" existe evidencia altamente significativa de su efecto sobre el peso al nacimiento, por lo tanto, se puede afirmar que la edad de la madre tiene una influencia directa sobre el peso al nacimiento de la cría. Para el presente trabajo se encontró un valor de $\beta_k = 0.203$ para el estimado del parámetro, lo cual se puede interpretar como un incremento en el peso al nacimiento, conforme se incrementa la edad de la madre. Este resultado confirma lo encontrado por García y Leyva (2007), en donde se observó que, llamas de mayor edad y número de partos permiten un mejor desarrollo de la cría y, por lo tanto, un mayor peso al nacimiento, aunque no se limita este aspecto solo a camélidos. En estudios hechos en ovinos Merino por Ercanbrack y Knight (1991), también se encontró un efecto significativo de la edad de la madre con el peso al nacimiento de corderos. Estos resultados nos indican que, en el caso de camélidos, aunque una madre de mayor edad tiene crías con mayor peso, también pueden existir madres muy viejas que

produzcan crías con bajo peso, por lo cual debe de tomarse en consideración.

Para el caso del efecto “Año de nacimiento”, se encontró un efecto altamente significativo ($p < 0.0001$), el cual influye sobre el peso al nacimiento de las crías, el cual está muy relacionado a las condiciones de alimentación de la madre. Este resultado es similar al encontrado en terneros por Varona et al. (1999), en donde concluyeron que el medio ambiente tiene una influencia muy marcada sobre el desarrollo y crecimiento del feto hasta su nacimiento. Para el caso de camélidos, este aspecto es muy importante a considerar ya que en la actualidad existen diferencias muy marcadas entre un año y otro, lo cual hace que las condiciones ambientales sean muy variables, por el cambio en la temperatura y la presencia o ausencia de lluvias.

Con respecto al “Coeficiente de consanguinidad” de cada individuo, no existe un efecto significativo sobre el peso al nacimiento en la población de alpacas en estudio. Este resultado es contrario a lo encontrado en ovinos Merino, Targhee y Columbia por Ercanbrack y Knight (1991), en donde si existió un efecto significativo del coeficiente de consanguinidad individual sobre el peso al nacimiento, pero bastante bajo. Sin embargo, es de considerar que dicho efecto fue encontrado con coeficientes de consanguinidad mayores a 20%. Esto puede deberse a que en el presente estudio se encontró poca cantidad de animales con coeficientes de consanguinidad mayores a cero (10.20%) y un coeficiente de consanguinidad individual máximo de 25%.

Peso de vellón

Para los efectos “Raza” y “Punta”, existe evidencia de que los estimados para los parámetros del modelo no son significativos, por lo tanto, no tiene efecto sobre diferencias en el peso de vellón a la primera esquila de los individuos. Una razón para no encontrar esta diferencia puede deberse a que, en todas las alpacas de la población, el peso de vellón a la primera esquila es uno de los criterios de selección del fundo, sin sesgar por raza o punta de manejo.

En el caso del efecto de “Sexo”, si existe efecto sobre el peso de vellón, siendo el peso de vellón de machos mayor que el peso de vellón de hembras. Para el presente estudio, los machos tienen en promedio un peso de vellón a la primera esquila de 1.72 kg y las hembras 1.60 kg existiendo diferencia

significativa entre ambos ($p=0.03$).

En el caso del peso de vellón, esta diferencia tiene relación con la diferencia en el peso corporal, según el sexo, siendo los machos quienes presentan mayor peso corporal que las hembras (Bustinza, 2001), lo que significa que los machos son más grandes a la primera esquila y por lo tanto tienen mayor área superficial para el crecimiento de la fibra del vellón.

Para la variable “Días a la primera esquila” existe evidencia altamente significativa de su efecto sobre peso de vellón, por lo tanto, se puede afirmar que los días al momento de la primera esquila tienen un efecto sobre el peso de vellón en esta población. El estimador del parámetro tiene un valor de $\beta_1 = 0.0022$, lo cual se puede interpretar como un incremento de peso de vellón a la primera esquila, conforme se incrementan los días hasta la esquila, lo que es de esperar ya que la fibra tiene crecimiento de manera continua.

Con respecto al “Coeficiente de consanguinidad” de cada individuo, existe efecto significativo sobre el peso de vellón en la población en estudio. Resultados similares se han observado para el mismo carácter en estudios hechos en ovinos por Ercanbrack y Knight (1991) y Lamberson et al. (1982), lo que se puede afirmar que, si existe un efecto del coeficiente de consanguinidad individual sobre el peso de vellón, por lo que un caso de depresión consanguínea para este carácter puede ser calculado.

Depresión consanguínea

Para el coeficiente de regresión del coeficiente de consanguinidad sobre el peso al nacimiento, se observó que por cada 1% de incremento de la consanguinidad el peso al nacimiento disminuyó en 0.00418 Kg o 4.18 gramos (Cuadro 4). En porcentaje, esto representa una disminución de 0.07%, lo cual demuestra que tiene un efecto casi nulo sobre este carácter, aunque debe de tomarse en cuenta que el coeficiente de regresión puede tener valor de cero ($p=0.53$), quizá debido a la poca cantidad de información que permita obtener resultados concluyentes.

Resultados similares fueron encontrados en ovinos donde por cada 1% de consanguinidad individual el peso al nacimiento de los corderos se redujo solo en 0.9 gramos (Akhtar et al., 2000). Estos resultados son contrarios a los presentados por McParland et al. (2008), donde mencionan que, en ovinos, los

caracteres en el momento temprano de la vida, como peso al nacimiento, son más susceptibles de sufrir depresión consanguínea, en comparación a los caracteres pos destete. También puede sugerirse el efecto del ambiente en donde se crían estos animales, ya que se sabe que en condiciones adversas, los caracteres productivos sufren mayor depresión consanguínea, (McParland et al., 2008; Lamberson et al., 1982), sin embargo, en la zona de donde se obtuvieron los datos, el uso eficiente de cobertizos, conservación de pastos naturales y uso de pastos cultivados, pueden haber influido a generar un ambiente menos severo y por consiguiente los efectos de la depresión consanguínea podrían ser menos significativos.

Otra razón puede ser que en el peso al nacimiento responde a una selección correlacionada con el peso de vellón a largo plazo y en combinación con un buen ambiente nutricional, podría haber enmascarado cualquier efecto negativo de la consanguinidad, tanto en caracteres de crecimiento como en producción, tal como se observó en ovinos Hampshire Down por Lamberson et al. (1982).

Para el coeficiente de regresión del coeficiente de consanguinidad sobre el peso de vellón se observa que por cada 1% de incremento en la consanguinidad individual, el peso de vellón disminuye en 0.01107 Kg o 11.07 gramos (Cuadro 4). En porcentaje, esto representa una reducción de 0.63%. En este caso, si se puede considerar un valor real ya que el coeficiente de regresión es diferente de cero ($p=0.002$), pero resulta ser de un efecto muy bajo (menos del 2%). Resultados similares fueron encontrados en ovinos locales por Akhtar et al. (2000) en donde por cada 1% de consanguinidad individual el peso de vellón a la primera esquila se redujo en 1.3 gramos, menor a lo encontrado en esta investigación. Resultados similares se observaron en ovinos Merino francés, Targhee y Columbia en donde por cada 1% de consanguinidad individual, el peso de vellón disminuyó en 80, 140 y 2 gramos, respectivamente (Ercanbrack y Knight, 1991).

Aunque los valores de depresión consanguínea tienden a no tener un efecto significativo sobre el peso al nacimiento y peso de vellón, es posible confirmar las investigaciones encontradas acerca de la depresión consanguínea sobre caracteres productivos, en donde caracteres con mayores valores de heredabilidad tienen menos efecto de la depresión consanguínea y caracteres con poca

heredabilidad, son más propensos a un efecto de la depresión consanguínea en la mayoría de especies (Carrillo y Siewerdt, 2010; Davis y Simmen, 2010).

De acuerdo a estudios hechos en alpacas por Paredes-Peralta et al. (2011), encontraron valores de heredabilidad para peso de vellón sucio, principalmente entre a 0.21 +/- 0.01 a 0.35 +/- 0.02. Para peso de vellón a la primera esquila en alpacas, los rangos de heredabilidad están entre 0.09 (Gutiérrez et al., 2009b) a 0.46 (Paredes-Peralta et al. 2011; Pérez-Cabal et al., 2010), similares a los mencionados en ovinos con valores de heredabilidad promedio de peso de vellón sucio alrededor de 0.21 a 0.35 (Gutiérrez et al., 2009b). Para el caso de peso al nacimiento de alpacas, se sabe que existe una heredabilidad de entre 0.32 a 0.53 (Bustinza et al. 1988, García y Leyva, 2007) e incluso en llamas se ha encontrado valor de heredabilidad de 0.59 (García y Leyva, 2007).

Tomando en cuenta los valores referenciales mostrados, el valor de heredabilidad para peso de vellón sucio tiende a ser siempre menor que el peso al nacimiento, por lo que es posible asumir que el peso de vellón es un carácter que tiene un componente de dominancia que lo hace más sensible a la depresión consanguínea que el peso al nacimiento, en los loci correspondientes al carácter, tal como lo propone Curik et al. (2003) de acuerdo a estudios hechos en caballos lipizanos.

Al igual que los caracteres de reproducción, el peso de vellón parece estar más influenciado por los efectos ambientales, y el efecto de la depresión consanguínea parece estar poco o nada afectado, pero más estudios sobre este tema incluyendo más información de caracteres productivos de importancia económica y tomar en cuenta el efecto de consanguinidad de la madre, son necesarios para determinar más eficazmente el efecto de la depresión consanguínea.

En conclusión, la consanguinidad promedio en toda la población de alpacas es de 0.17% y el incremento de la consanguinidad promedio por generación equivalente es de 0.23%, siendo ambos muy bajos. No existe un efecto significativo de la consanguinidad sobre el peso al nacimiento ($p=0.532$), pero si sobre el peso de vellón ($p=0.003$). Por cada 1% de consanguinidad individual, el peso al nacimiento se reduce en 0.00418 Kg, con un $p>0.05$, el cual no representa un efecto significativo

para la depresión consanguínea. Por cada 1% de consanguinidad individual, el peso de vellón sucio se reduce en 0.01107 Kg con un $p < 0.05$, teniendo un efecto significativo pero muy bajo para la depresión consanguínea.

REFERENCIAS

- Akhtar, P., Khan, M. S., Mohiuddin, G., & Abdullah, M. (2000). Effect of inbreeding on different performance traits of Hissardale sheep in Pakistan. *Pakistan Veterinary Journal*, 20(4), 169-172.
- Bustinza, V. (2001). *La alpaca: conocimiento del gran potencial andino*: Libro 1. Puno: Oficina de Recursos del Aprendizaje–Sección Publicaciones UNA.
- Butcher, R. L., Dunbar, R. S., & Welch, J. A. (1964). Heritabilities of and correlations between lamb birth weight and 140-day weight. *Journal of Animal Science*, 23(1), 12-15.
- Caballero, A., Santiago, E., & Toro, M. A. (1996). Systems of mating to reduce inbreeding in selected populations. *Animal science*, 62(3), 431-442.
- Cleveland, M. A., Blackburn, H. D., Enns, R. M., & Garrick, D. J. (2005). Changes in inbreeding of US Herefords during the twentieth century. *Journal of animal science*, 83(5), 992-1001.
- Carrillo, J. A., & Siewerdt, F. (2010). Consequences of long-term inbreeding accumulation on preweaning traits in a closed nucleus Angus herd. *Journal of animal science*, 88(1), 87-95.
- Colleau, J. J. (2002). An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients. *Genetics Selection Evolution*, 34(4), 409-422.
- Curik, I., Zechner, P., Sölkner, J., Achmann, R., Bodo, I., Dovc, P., ... & Brem, G. (2003). Inbreeding, microsatellite heterozygosity, and morphological traits in Lipizzan horses. *Journal of Heredity*, 94(2), 125-132.
- Danchin-Burge, C., Palhière, I., François, D., Bibé, B., Leroy, G., & Verrier, E. (2010). Pedigree analysis of seven small French sheep populations and implications for the management of rare breeds. *Journal of animal science*, 88(2), 505-516.
- Davis, M. E., & Simmen, R. C. M. (2010). Estimates of inbreeding depression for serum insulin-like growth factor I concentrations, body weights, and body weight gains in Angus beef cattle divergently selected for serum insulin-like growth factor I concentration. *Journal of animal science*, 88(2), 552-561.
- Ercanbrack, S. K., & Knight, A. D. (1991). Effects of inbreeding on reproduction and wool production of Rambouillet, Targhee, and Columbia ewes. *Journal of animal science*, 69(12), 4734-4744.
- FAO. (1998). *Secondary guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans Management of small populations at risk*. Recuperado de: <http://www.fao.org/3/a-w9361e.pdf>
- García, V., & Leyva, V. (2007). Índices genéticos estimados para peso corporal en llamas. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 18(1), 11-17.
- Gutiérrez, J. P., Goyache, F., Burgos, A., & Cervantes, I. (2009). Genetic analysis of six production traits in Peruvian alpacas. *Livestock Science*, 123(2), 193-197.
- Gutiérrez, J. P., & Goyache, F. (2005). A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122(3), 172-176.
- Gutiérrez, J. P., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Cañón, J., & Piedrafito, J. (2003). Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genetics Selection Evolution*, 35(1), 43-64.
- Kinghorn, B., Kinghorn, S. (2010). *Pedigree Viewer* version 6.4d. Recuperado de: <http://www.personal.une.edu.au/~bkinghor/>
- Kuehn, L. A., Notter, D. R., & Lewis, R. M. (2008). Assessing genetic gain, inbreeding, and bias attributable to different flock genetic means in alternative sheep sire referencing schemes. *Journal of animal science*, 86(3), 526-535.
- Lamberson, W. R., Thomas, D. L., & Rowe, K. E. (1982). The effects of inbreeding in a flock of Hampshire sheep. *Journal of Animal Science*, 55(4), 780-786.
- Li, M.H., Strandén, I., Kantanen, J. (2009). Genetic diversity and pedigree of the Finsheep breed. *Journal of Animal Science*. 87, 1598 – 1605.
- Marshall, T. C., Coltman, D. W., Pemberton, J. M., Slate, J., Spalton, J. A., Guinness, F. E., ... & Clutton-Brock, T. H. (2002). Estimating the prevalence of inbreeding from incomplete pedigrees. *Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences*, 269(1500), 1533-1539.
- Mc Parland, S., Kearney, J. F., Rath, M., & Berry, D. P. (2007). Inbreeding trends and pedigree analysis of Irish dairy and beef cattle populations. *Journal of animal science*, 85(2), 322-331.
- Luo, Z. (1992). Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection Evolution*, 24(4), 305-313.
- Panetto, J. C. C., Gutiérrez, J. P., Ferraz, J. B. S., Cunha, D. G., & Golden, B. L. (2010). Assessment of inbreeding depression in a Guzerat dairy herd: effects of individual increase in inbreeding coefficients on production and reproduction. *Journal of dairy science*, 93(10), 4902-4912.
- Paredes-Peralta, M. M., Alonso-Moraga, A., Analla, M., Machaca-Centty, J., & Muñoz-Serrano, A. (2011). Genetic parameters and fixed effects estimation for fibre traits in alpaca huacaya (Lama pacos). *Journal of Animal and Veterinary Advances*, 10(11), 1484-1487.
- Pérez-Cabal, M. A., Cervantes, I., Morante, R., Burgos, A., Goyache, F., & Gutiérrez, J. P. (2010). Analysis of the existence of major genes affecting alpaca fiber traits. *Journal of animal science*, 88(12), 3783-3788.
- Varona, L., Misztal, I., & Bertrand, J. K. (1999). Threshold-linear versus linear-linear analysis of birth weight and calving ease using an animal model: II. Comparison of models. *Journal of animal science*, 77(8), 2003.

García, V., & Leyva, V. (2007). Índices genéticos estimados para peso corporal en llamas. *Revista de Investigaciones*