



## **ATN/RF-16680-RG “INNOVACIÓN E INTENSIFICACIÓN PARA LA ADAPTACIÓN AL CAMBIO CLIMÁTICO DE LA GANADERÍA EXTENSIVA FAMILIAR**

**Producto 9: Registro de individuos portadores de alelos favorables para calidad de fibra y calidad de carne**

**Nicolás Giovannini**

**2023**



Códigos JEL: Q16

FONTAGRO (Fondo Regional de Tecnología Agropecuaria) es un mecanismo único de cooperación técnica entre países de América Latina, el Caribe y España, que promueve la competitividad y la seguridad alimentaria. Las opiniones expresadas en esta publicación son de los autores y no necesariamente reflejan el punto de vista del Banco Interamericano de Desarrollo (BID), del Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA), FONTAGRO, de sus Directorios Ejecutivos ni de los países que representan.

El presente documento ha sido preparado por Nicolás Giovannini y Julia Mauriño, investigadores de la Estación Experimental Bariloche del INTA.

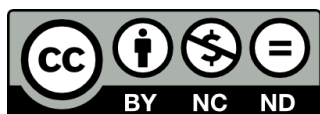
Copyright © 2022 Banco Interamericano de Desarrollo. Esta obra se encuentra sujeta a una licencia Creative Commons IGO 3.0 Reconocimiento-NoComercial- SinObrasDerivadas (CC-IGO 3.0 BY-NC-ND) (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/3.0/igo/legalcode>) y puede ser reproducida para cualquier uso no comercial otorgando el reconocimiento respectivo al BID. No se permiten obras derivadas. Cualquier disputa relacionada con el uso de las obras del BID que no pueda resolverse amistosamente se someterá a arbitraje de conformidad con las reglas de la CNUDMI (UNCITRAL). El uso del nombre del BID para cualquier fin distinto al reconocimiento respectivo y el uso del logotipo del BID no están autorizados por esta licencia CC-IGO y requieren de un acuerdo de licencia adicional. Note que el enlace URL incluye términos y condiciones adicionales de esta licencia.

Esta publicación puede solicitarse a:

**FONTAGRO**

Correo electrónico: [fontagro@fontagro.org](mailto:fontagro@fontagro.org)

[www.fontagro.org](http://www.fontagro.org)



# Tabla de Contenidos

<b>ABSTRACT .....</b>	<b>5</b>
<b>KEY WORDS .....</b>	<b>5</b>
<b>RESUMEN EJECUTIVO .....</b>	<b>6</b>
<b>PALABRAS CLAVE .....</b>	<b>6</b>
<b>INTRODUCCIÓN .....</b>	<b>7</b>
<b>EVALUACIÓN GENÉTICA DE CAPRINOS DE ANGORA 2021 .....</b>	<b>8</b>
<b>CONCLUSIONES Y SUGERENCIAS.....</b>	<b>13</b>
<b>EVALUACIÓN GENÉTICA DE CAPRINOS DE ANGORA 2022 .....</b>	<b>19</b>
<b>CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....</b>	<b>24</b>
<b>INSTITUCIONES PARTICIPANTES.....</b>	<b>30</b>



## ÍNDICE DE TABLAS Y FIGURAS

### EVALUACIÓN GENÉTICA DE CAPRINOS DE ANGORA 2021

Tabla 1. Nacimientos discriminados por año, sexo y tipo de nacimiento.....	9
Tabla 2. Parámetros genéticos. Heredabilidades (diagonal) y correlaciones genéticas debajo de la diagonal .....	10
Tabla 3. Nº de crías por castrón por año.....	11
Tabla 4. Valores de Cría (VC) promedio para el año base .....	12
Tabla 5. Listado de padres con progenie 2015-2019 con sus DEP y exactitudes.....	15
Tabla 6. Datos productivos fenotípicos y genéticos - Castroncitos nacidos en 2019 .....	16
Tabla 7. Datos productivos fenotípicos y genéticos - Cabrillas nacidas en 2019 .....	17
Tabla 8. Datos productivos fenotípicos y genéticos - Castrones importados nacidos en 2017 y 2018 .....	18
Figura 1. Progreso genético para Peso corporal a la esquila (PCE), Promedio de diámetro de fibras (PDF) y Peso de vellón sucio (PVS).....	12

### EVALUACIÓN GENÉTICA DE CAPRINOS DE ANGORA 2022

Tabla 1. Nacimientos discriminados por año, sexo y tipo de nacimiento.....	19
Tabla 2. Parámetros genéticos. Heredabilidades (diagonal) y correlaciones genéticas debajo de la diagonal .....	20
Tabla 3. Nº de crías por castrón por año.....	21
Tabla 4. Valores de Cría (VC) promedio para el año base .....	22
Tabla 5. Listado de padres con progenie 2015-2019 con sus DEP y exactitudes.....	26
Tabla 6. Datos productivos fenotípicos y genéticos - Castroncitos nacidos en 2020 .....	27
Tabla 7. Datos productivos fenotípicos y genéticos - Cabrillas nacidas en 2020 .....	28
Tabla 8. Datos productivos fenotípicos y genéticos - Castrones importados nacidos en 2017 y 2018.....	28
Figura 1. Progreso genético para Peso corporal a la esquila (PCE), Promedio de diámetro de fibras (PDF) y Peso de vellón sucio (PVS).....	23



## **ABSTRACT**

To improve the quality of products, in this case Mohair fiber, from Angora goats, it is necessary to know the genetic merit of the animals in order to select the candidates that guarantee such improvement.

The Pilcaniyeu Annex Field, which belongs to the Agricultural Experimental Station of INTA Bariloche, has a herd of Angora goats, from which breeding animals are supplied to producer organizations. For this purpose, every year since the animals are born, genealogical data and variables of economic interest are recorded, and then, based on this information, the best breeders are selected, using genetic evaluation methodologies (ProCaprino). These animals, based on their genetic merit, will be the ones that will replace the nucleus breeders and the ones that will reach the producers' herds to improve the quality of their product.

In this report, genetic merit listings are presented for Padres, Castroncitos 2D (1 year old males), Cabrillas 2D (1 year old females) and imported Castrones 4D and 6D (2 and 3 year old males), respectively of 2 years (2021 and 2022). The variables evaluated were Body Weight at Shearing (BW at shearing), Average Fiber Diameter (AFD) and Dirty Fleece Weight (DFW) of the animals raised in the Pilcaniyeu annex farm.

With the information contained in the report plus the visual inspection of the animals, those responsible for the genetic improvement plan decide the matings according to the type of progeny desired.

## **KEY WORDS**

Genetic merit, Mohair, Angora goats



## RESUMEN EJECUTIVO

Para mejorar la calidad de los productos, en este caso la fibra de Mohair, provenientes de las cabras de Angora, es necesario conocer el mérito genético de los animales para poder seleccionar los candidatos que garanticen dicha mejora.

El Campo Anexo Pilcaniyeu, dependiente de la Estación Experimental Agropecuario del INTA Bariloche, posee una cabaña de caprinos de la raza Angora, desde donde se proveen animales mejoradores a organizaciones de productores. Para ello, cada año desde que los animales nacen se registran datos genealógicos y variables de interés económico, para luego, en base a esta información, seleccionar los mejores reproductores, utilizando metodologías de evaluación Genética (ProCaprino). Estos animales en función del mérito genético serán los que reemplazarán los reproductores del núcleo y los que llegarán a los hatos de los productores para mejorar la calidad de su producto.

En este informe se presentan los listados de mérito genético para Padres, Castroncitos 2D (machos de 1 año de edad), Cabrillas 2D (hembras de 1 año de edad) y Castrones 4D y 6D importados (machos de 2 y 3 años), respectivamente de 2 años (2021 y 2022). Las variables evaluadas fueron Peso corporal a la esquila (PCE), Promedio de diámetro de fibras (PDF) y Peso de vellón sucio (PVS) de los animales criados en el campo anexo Pilcaniyeu.

Con la información contenida en el informe más la inspección visual de los animales, los responsables del plan de mejoramiento genético deciden los apareamientos según el tipo de progenie deseada.

### **PALABRAS CLAVE**

Mérito genético, Mohair, Cabras Angora





## INTRODUCCIÓN

Numerosas organizaciones participantes del proyecto diagnosticaron un problema en la comercialización de sus productos. Ya sea porque su escala de producción era muy baja, porque no tenían canales de venta seguros o porque la calidad de su producto se correlacionaba con un menor precio. Una alternativa para mejorar resolver estos problemas son las asociaciones entre productores, sean establecidas u ocasionales para un momento determinado, ya que permiten subsanar los problemas de comercialización de los productos agropecuarios de baja escala. Estas entidades poseen un rol clave en el acopio y la comercialización de los productos, se articulan estrategias de escala y calidad, el uso de información objetiva para las fibras, la información del mercado, la innovación y la asistencia técnica para alcanzar las mejores condiciones en la venta de los productos. El apoyo a los productores para su incorporación a estas ventas asociativas les permite acceder a precios más acordes al mercado respecto de la venta individual al acopiador local, que suele comprar la fibra a la mitad de su valor real de mercado.

Sin embargo, para mejorar la calidad de los productos, en este caso la fibra de Mohair, provenientes de las cabras de Angora, es necesario conocer el mérito genético de los animales para poder seleccionar los candidatos que garanticen dicha mejora.

El Campo Anexo Pilcaniyeu, dependiente de la Estación Experimental Agropecuario del INTA Bariloche, posee una cabaña de caprinos de la raza Angora, desde donde se proveen animales mejoradores a las asociaciones de productores. Para ello, cada año desde que los animales nacen se registran datos genealógicos y variables de interés económico, para luego, en base a esta información, seleccionar los mejores reproductores, utilizando metodologías de evaluación Genética (ProCaprino). Estos animales en función del mérito genético serán los que reemplazarán los reproductores del núcleo y los que llegarán luego a los hatos de los productores para mejorar la calidad de su producto.

En este informe se presentan los listados de mérito genético para Padres, Castroncitos 2D (machos de 1 año de edad), Cabrillas 2D (hembras de 1 año de edad) y Castrones 4D y 6D importados (machos de 2 y 3 años), respectivamente de 2 años (2021 y 2022). Las variables evaluadas fueron Peso corporal a la esquila (PCE), Promedio de diámetro de fibras (PDF) y Peso de vellón sucio (PVS) de los animales criados en el campo anexo Pilcaniyeu.

Con la información contenida en el informe más la inspección visual de los animales, los responsables del plan de mejoramiento genético deciden los apareamientos según el tipo de progenie deseada. A continuación, se presentan los informes de Evaluación genética de caprinos de Angora de los años 2021 y 2022.



*Cabras Angora plantel INTA EEA Bariloche.*

## EVALUACIÓN GENÉTICA DE CAPRINOS DE ANGORA 2021

### DATOS DE CAMPO

La predicción del mérito genético se basa en la utilización conjunta de los registros de producción y los registros genealógicos disponibles. Los registros comienzan con los nacimientos de 2000. En este informe se analizan los nacimientos hasta el año 2019 inclusive. Se registraron datos de chivitos de ambos sexos y se dispone de información de su tipo de nacimiento. La distribución de registros anuales según sexo y tipo de nacimiento se presenta en la tabla 1.





**Tabla 1. Nacimientos discriminados por año, sexo y tipo de nacimiento**

Año	NC	Sexo		Tipo de Nacimiento		
		Hembra	Macho	simple	mellizo	trillizo
2000	131	57	74	110	16	0
2001	103	42	61	93	10	0
2002	123	57	66	88	27	3
2003	85	40	45	72	10	3
2004	81	44	37	67	7	0
2005	117	58	59	100	12	0
2006	106	51	55	90	14	0
2007	70	33	37	36	34	0
2008	52	20	32	49	3	0
2009	77	43	34	69	8	0
2010	67	30	37	54	13	0
2011	46	15	31	44	2	0
2012	35	17	18	35	0	0
2013	54	28	26	40	14	0
2014	83	40	43	61	22	0
2015	41	22	19	29	4	0
2016	73	34	39	59	14	0
2017	83	39	44	57	26	0
2018	67	29	38	47	20	0
2019	80	35	45	65	15	0
<b>Total</b>	<b>1574</b>	<b>734</b>	<b>840</b>	<b>1265</b>	<b>271</b>	<b>6</b>

*NC: Número de chivitos/as nacidos*

En la tabla 1 se observan 6 trillizos, a los fines de los análisis esos chivitos serán tratados como mellizos. En 2011 el plantel se redujo considerablemente por causa de la caída de cenizas del volcán Puyehue. Desde ese año, hasta el 2014 inclusive, el plantel inició un proceso de recuperación donde los registros fueron escasos y con mucho “ruido” ambiental. Recién en 2015, aunque con un número reducido de animales, se reestablecieron los protocolos tradicionales de registros.

Los chivitos fueron pesados al nacimiento (**PCN**), y a la esquila de 12 meses (**PCE**). En la esquila se registró además el Peso de Vellón Sucio (**PVS**) y se tomaron muestras de mohair de la zona del costillar para ser analizadas en el laboratorio donde se obtuvieron los diámetros medios de fibra (**PDF**). Otros registros como Peso al nacimiento, peso al destete, contenido de fibras meduladas y contenido de kemp se encuentran en la base de datos para próximas evaluaciones.



## PARÁMETROS GENÉTICOS

Se utilizaron los parámetros genéticos descritos en la tabla 2. Con la acumulación de datos, en el futuro estos parámetros serán reestimados para fortalecer el sistema de evaluación.

**Tabla 2. Parámetros genéticos. Heredabilidades (diagonal) y correlaciones genéticas debajo de la diagonal**

	PCE	PDF	PVS
PCE	<b>0.30</b>		
PDF	0.36	<b>0.32</b>	
PVS	0.30	0.27	<b>0.35</b>

*PCE: Peso corporal a la esquila, PDF: Promedio de diámetro de fibras, PVS: peso de vellón sucio*

## EVALUACIÓN GENÉTICA

Desvíos esperados en la progenie (DEP) y exactitudes (Ex).

Los méritos genéticos se presentan como desvíos esperados en la progenie (DEP). En un reproductor, representa el valor genético esperado en el promedio de sus crías y se expresa en la misma unidad de medida de la característica evaluada. Por ejemplo, un castrón con una DEP de 1.2 kg para PCE significa que se espera que su progenie pese en promedio 1.2 kg más que el promedio de la progenie de un castrón de DEP 0.0 kg. Esto siempre y cuando se lo aparee con hembras al azar. La confiabilidad o exactitud de la estimación de los DEP depende de la característica, la cantidad y la calidad de información disponible. En general, exactitudes mayores a 80 son consideradas altas y exactitudes menores a 60 son consideradas bajas.

*Es normal que las exactitudes se presenten cerca del 80-90% para los castrones y alrededor del 60-70% para cabrillas y castroncitos con datos propios, pero algunos animales tienen exactitudes muy bajas (por falta de datos propios, por falta de parientes con información o por estar en grupos contemporáneos con escasa conexión genética) por lo que su evaluación debe ser tomada con precaución.*

Una orientación sobre la exactitud de las evaluaciones de padres está dada por su número de hijos. Además, la distribución de hijos por padre y por año es un indicador de la capacidad de corrección por efecto año que tendrán los análisis. En la tabla 3 se presentan los padres de cabaña utilizados desde el servicio de 2015 con el número de hijos nacidos (**NC**) en base al registro de PCN.



**Tabla 3. N° de crías por castrón por año**

ID	Origen	Año					NC
		2015	2016	2017	2018	2019	
1007	PIL	.	2	.	.	.	2
1009	PIL	1	.	.	.	.	1
1013	PIL	.	4	.	.	.	4
1019	PIL	3	.	.	.	.	3
131	CAM	10	.	.	.	.	10
175	CAM	3	.	.	.	.	3
27	AUS	.	2	13	.	.	15
383	PIL	.	.	2	.	.	2
4036	SUD	.	.	.	.	1	1
5.385	SUD	.	.	.	7	5	12
5.391	SUD	.	.	1	6	6	13
5003	PIL	.	.	6	6	.	12
5007	PIL	.	.	13	11	.	24
5011	PIL	.	.	2	.	.	2
6001	PIL	.	.	.	1	.	1
6005	PIL	.	.	.	7	7	14
6021	PIL	.	.	.	.	9	9
7029	PIL	.	.	.	.	6	6
7041	SUD	.	.	.	.	7	7
7047	SUD	.	.	.	.	7	7
7067	PIL	.	.	.	.	2	2
7168	AUS	.	28	.	.	.	28
725	AUS	.	4	12	.	.	16
9.306	SUD	.	.	.	.	1	1
9.36	SUD	.	.	6	2	1	9
<b>Total</b>		<b>29</b>	<b>56</b>	<b>71</b>	<b>46</b>	<b>62</b>	<b>264</b>

Es fundamental para la evaluación utilizar machos “conectores” (2 al menos) entre años, con un buen número de crías en ambos períodos (>20). Puede observarse que los años 2015 y 2016 están “desconectados”. Además, en general, los padres no tienen hijos suficientes para alcanzar niveles óptimos de exactitud.



## Progreso genético

A partir de los registros de producción y de genealogía es posible calcular el valor genético para cada característica y para cada animal de la base de datos. Los DEP son comparables entre años por lo que es posible calcular una tendencia o progreso genético promediando estos valores para animales de un mismo año de nacimiento. Para calcularlo, al igual que los DEPs, se consideró al año 2015 como base de comparación, año en que se retomaron las evaluaciones genéticas. Los valores de cría (EBV) promedio para ese año se describen en la tabla 4.

**Tabla 4. Valores de Cría (VC) promedio para el año base.**

PCE	PVS	PDF
-0.18 kg	-0.01 kg	-0.01 mic

En la figura 1 podemos observar el progreso genético, expresado como valor de cría (EBV = DEP\*2), desde los nacimientos de 2015 para las 3 características evaluadas.

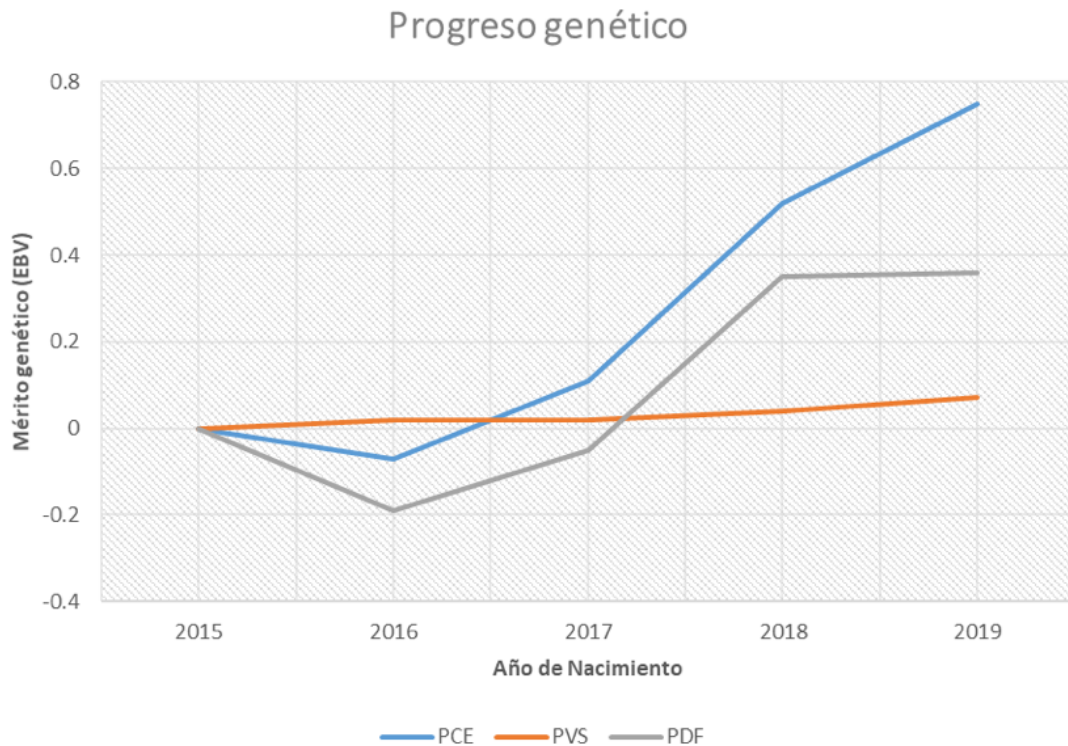


Figura 1. Progreso genético para Peso corporal a la esquila (PCE), Promedio de diámetro de fibras (PDF) y Peso de vellón sucio (PVS).



### Listados de mérito genético

En las tablas 5, 6, 7 y 8 se presentan los listados de mérito genético para Padres, Castroncitos 2D, Cabrillas 2D y Castrones 4D y 6D importados, respectivamente.

El resumen de padres puede presentar cambios año a año debido a la incorporación de nueva información, con los años se irá ganando robustez en la evaluación. En la medida en que se acumule información y se consoliden los procedimientos, la exactitud y calidad de los resultados mejorarán.

## CONCLUSIONES Y SUGERENCIAS

### Progresos genéticos

Los progresos genéticos de la figura 1 muestran un mantenimiento, sin cambios del nivel genético, del PVS y tendencias al incremento de PCE y PDF, siendo más importante en la primera. En los últimos 4 servicios se han incorporado castrones de origen australiano y sudafricano sin evaluación genética previa. Estas incorporaciones son beneficiosas para incrementar la variabilidad genética pero a su vez impactan impredeciblemente en el progreso genético del plantel.

### Padres de cabaña

Los castrones importados nacidos de embriones, tienen como patrón el aumentar el peso corporal, incrementar el diámetro de fibras del mohair y mantener el peso de vellón. Sin embargo, estos resultados hay que tomarlos con precaución ya que presentan efectos ambientales que no pudieron ser removidos en la predicción de los valores genéticos (madres criollas, tratamientos nutricionales y cuidados particulares). Además, la exactitud de las predicciones es aún baja debido a la falta de hijos con registros productivos. A través del seguimiento de sus crías estos valores se ajustarán mejor en próximas evaluaciones.

De los castrones propios del plantel, el 7029 fue el castrón que mostró mejor desempeño genético dado por el balance entre las 3 características evaluadas. Aquí también la exactitud de las predicciones es aún baja.

### Nuevos padres

Para evaluar mejor a los castrones importados es recomendable usarlos como padres y que, en su origen, provengan de distintas líneas genéticas. En este sentido se recomienda para el servicio 2021 el uso de los siguientes castrones: 7041, 8033 (conector), 8037.

Respecto a los castrones de origen de la cabaña, por su desempeño genético, se recomiendan los siguientes castrones: 7079 y 7059.





### Madres y cabrillas

Refugar madres de dentición menor a la categoría “medio diente”.

Se sugiere revisar a las cabrillas de mejores DEP y rechazar a las inferiores. Aquellas cabrillas con defectos fenotípicos también deben refugarse.

### Futuras evaluaciones

Idealmente debe ponderarse cada DEP con su importancia económica y de acuerdo a un objetivo más global e integrador de selección diseñar un “índice de selección”. Se realizará para la próxima evaluación el ejercicio de ponderación económica de cada característica evaluada para construir índices de selección que facilitan el proceso de selección.

También se empezará a incluir información del mérito genético para contenido de KEMP, Peso corporal al destete y prolificidad en madres.

*La metodología utilizada responde a estándares internacionales (BLUP - Modelo Animal).*



**Tabla 5. Listado de padres con progenie 2015-2019 con sus DEP y exactitudes**

ID	PADRE	Origen	ANPad	PCE12	PVS12	PDF12	depPCE12 <sup>1</sup>	depPVS12 <sup>1</sup>	depPDF12 <sup>1</sup>	Exa <sup>2</sup>	NT <sup>3</sup>
9.36		SUD	2015				1.96	0.18	1.41	62	9
9.306		SUD	2015				0.2	0.04	0.29	27	1
725		AUS	2007				-0.02	0.03	-0.31	73	16
7168		AUS	2007				-0.27	0	-0.32	74	28
<b>7067</b>	<b>725</b>	PIL	2017	<b>18.26</b>	<b>1.26</b>	<b>19.36</b>	<b>0.41</b>	<b>0.03</b>	<b>-0.26</b>	<b>65</b>	<b>2</b>
<b>7047</b>	<b>5.391</b>	SUD	2017	<b>25.38</b>	<b>2.11</b>	<b>26.9</b>	<b>1.34</b>	<b>0.16</b>	<b>0.92</b>	<b>71</b>	<b>7</b>
<b>7041</b>	<b>9.36</b>	SUD	2017	<b>20.7</b>	<b>1.56</b>	<b>24.5</b>	<b>0.83</b>	<b>0.1</b>	<b>0.79</b>	<b>71</b>	<b>7</b>
<b>7029</b>		PIL	2017	<b>20.69</b>	<b>1.28</b>	<b>20.32</b>	<b>1.03</b>	<b>0.03</b>	<b>-0.05</b>	<b>69</b>	<b>6</b>
<b>6021</b>	<b>7168</b>	PIL	2016	<b>20.5</b>	<b>1.48</b>	<b>22.59</b>	<b>0.13</b>	<b>0.01</b>	<b>-0.07</b>	<b>72</b>	<b>9</b>
<b>6005</b>	<b>27</b>	PIL	2016	<b>18</b>	<b>1.32</b>	<b>22.45</b>	<b>-0.59</b>	<b>-0.02</b>	<b>-0.4</b>	<b>78</b>	<b>14</b>
6001	7168	PIL	2016	21.5	1.31	22.74	0.21	0.02	-0.05	62	1
5011	175	PIL	2015	13	0.9	20.61	0.09	0.01	-0.35	62	2
5007	131	PIL	2015	16.5	0.97	22.45	-0.77	-0.09	-0.26	80	24
5003	1019	PIL	2015	16	1	21.37	-0.05	0	-0.17	76	12
<b>5.391</b>		SUD	2015				<b>1.29</b>	<b>0.11</b>	<b>0.87</b>	<b>67</b>	<b>13</b>
<b>5.385</b>		SUD	2015				<b>2.19</b>	<b>0.12</b>	<b>1.66</b>	<b>65</b>	<b>12</b>
<b>4036</b>		SUD	2015				<b>0.35</b>	<b>0.02</b>	<b>0.04</b>	<b>28</b>	<b>1</b>
383	1019	PIL	2015	15.5	0.97	23.54	-0.3	-0.04	0.42	61	2
27		AUS	2007				-0.55	-0.05	-0.47	72	15
175		CAM	2011				0.26	0.01	-0.22	40	3
131		CAM	2011				-0.17	-0.02	0.08	62	10
1019	8437	PIL	2011				-0.29	-0.02	0.14	48	3
1013		PIL	2011				0	0.03	0.58	48	4
1009	7106	PIL	2011				-0.04	0	-0.02	27	1
1007	19	PIL	2011				-0.07	0.02	0.01	36	2

<sup>1</sup> Prefijo "dep" corresponde al valor genético expresado en DEP.

<sup>2</sup> Exactitud

<sup>3</sup> Número de Crías

En **negrita**, padres utilizados en último servicio



**Tabla 6. Datos productivos fenotípicos y genéticos - Castroncitos nacidos en 2019**

ID	Origen	PADRE	PCE12	PVS12	PDF12	KEMP12	depPCE12 <sup>1</sup>	depPVS12 <sup>1</sup>	depPDF12 <sup>1</sup>	Exa <sup>2</sup>	OBS
9001	SUD		0	0	26.47	0	0.27	0.05	0.89	26	Recria NQN
9003	SUD	5.385	22.5	1.36	23.36	0	1.58	0.1	0.85	59	
9005	SUD	5.391	0	0	23.13	0	0.73	0.07	0.55	43	Recria NQN
9007	SUD		20.2	1.41	22.91	0	0.63	0.08	0.24	55	
9011	SUD	5.385	0	0	27.74	0	1.26	0.09	1.45	43	Recria NQN
9013	SUD	9.36	0	0	23.48	0	1.05	0.1	0.74	42	Recria NQN
9017	PIL	6021	11.4	0.78	24.52	0	-0.75	-0.04	0.38	62	
9021	PIL	7047	17.35	1.37	22.9	0	0.5	0.1	0.51	63	
9025	PIL	7029	16.2	0.75	21.56	0	0.14	-0.04	0.01	63	
9027	PIL	6021	20.4	1.2	23.5	0.66	0.35	0.03	0.29	61	
9029	PIL	7029	22.5	1.1	23.88	3	0.75	0.01	0.25	63	
9031	PIL	7041	16	1.11	21.42	0	0.11	0.04	0.23	60	
9033	PIL	7047	17.4	1.42	22.76	0.33	0.79	0.12	0.52	62	
9037	PIL	6005	22.6	0.99	20.46	3.33	0.25	-0.01	-0.3	64	
9039	PIL	6021	13.6	0.93	20.04	0	-0.44	-0.01	-0.27	60	
9045	PIL	6005	16	1.19	21.09	0	-0.41	0.01	-0.28	62	
9047	PIL	6021	23.45	0.88	22.26	0	0.61	-0.02	0.02	61	
9049	PIL	7047	19.5	1.21	21.03	0	0.74	0.08	0.21	60	
9051	PIL	7041	19.05	0.98	21.18	0	0.53	0.04	0.32	64	
9053	PIL	7047	18.85	1.26	21.61	0	0.57	0.08	0.34	61	
9057	PIL	6021	16.25	0.89	17.83	0	-0.05	-0.01	-0.64	63	
9059	PIL	6021	18.65	1.15	22.26	0	0.83	0.09	0.53	64	
9061	PIL	6005	14.75	1.06	22.53	0.33	-0.45	0.02	-0.01	65	
9063	PIL		18.7	0.72	17.85	0.33	0.34	-0.02	-0.63	57	
9065	PIL	6021	17.9	1.01	20.09	0.33	0.27	0.03	-0.17	63	
9069	PIL		19.6	0.85	21.07	2.33	0.41	-0.02	-0.07	57	
9071	PIL		18.25	0.97	22.7	1	0.26	-0.01	0.16	57	
9073	PIL	7067	22.8	1.01	22.1	0.33	1.01	0.03	0.01	63	
9075	PIL	6005	17.6	1.25	23.29	0	-0.17	0.02	0.06	61	
9077	PIL	7029	14.7	1.08	21.37	0	-0.03	0	-0.12	63	
9081	PIL	7041	15.8	1	20.19	0	0.15	0.04	0.05	60	
9085	PIL		14.75	0.85	18.36	0	-0.12	-0.01	-0.6	58	
9089	PIL		13.8	0.97	19.21	0	-0.55	-0.01	-0.61	59	

<sup>1</sup> Prefijo "dep" corresponde al valor genético expresado en DEP.

<sup>2</sup> Exactitud



**Tabla 7. Datos productivos fenotípicos y genéticos - Cabrillas nacidas en 2019**

ID	Origen	PADRE	PCE12	PVS12	PDF12	KEMP12	depPCE12 <sup>1</sup>	depPVS12 <sup>1</sup>	depPDF12 <sup>1</sup>	Exa <sup>2</sup>
9000	SUD	5.385	14.8	1.11	23.23	0	1.04	0.08	0.79	59
9002	SUD	5.385	14.45	1.09	23.59	0	0.82	0.05	0.8	59
9004	SUD	5.391	13.8	1.35	23.67	0	0.42	0.08	0.51	59
9006	SUD			0.86	20.98	0	0.08	0	-0.13	43
9010	SUD	5.391	16.75	1.22	24.9	0	0.76	0.07	0.71	59
9012	SUD	4036	18.05	1.12	22.38	0	0.56	0.02	0.05	55
9016	SUD	5.391	16.1	0.87	21.95	0	0.66	0.03	0.3	59
9018	SUD	5.391	14.35	0.83	23.51	0	0.45	0.02	0.53	59
9019	PIL	7029	20.7	0.97	22.11	1.33	1.03	0.02	-0.01	63
9020	SUD	9.306	14.55	1.26	24.92	0	0.28	0.06	0.54	55
9022	SUD	5.385	18.15	1.22	21.69	0	1.29	0.07	0.51	59
9024	SUD	5.391	15.15	1.33	21.51	0	0.59	0.08	0.2	59
9026	PIL		15.25	1.17	22.02	1.66	0.18	0.02	-0.03	57
9028	PIL	7047	16.85	0.97	24.2	0	0.99	0.09	0.66	62
9030	PIL	7041	13.65	1.11	23.12	0	0.33	0.07	0.48	62
9032	PIL	6005	16.05	1.23	22.15	4	-0.11	0.02	-0.21	63
9035	PIL	6021	19.75	0.92	21.65	0.33	0.72	0.01	-0.02	64
9036	PIL	7041	14.2	0.93	21.66	0.66	0.15	0.03	0.23	63
9040	PIL	7047	16.35	1.47	22.07	0.66	0.89	0.12	0.19	61
9042	PIL	7041	13.15	0.72	24.01	1.33	0.03	-0.01	0.55	62
9044	PIL	7029	15.2	1.14	21.1	0	0.54	0.03	-0.34	63
9046	PIL	7041	13	1.26	23.45	0	0.3	0.09	0.51	62
9048	PIL	6005	13.95	1.02	22.32	1	-0.41	-0.01	-0.26	62
9050	PIL	6021	12.8	1.21	22.57	0	-0.16	0.03	0.01	60
9052	PIL	6005	11.85	1.01	22.62	0.33	-0.61	-0.01	-0.07	62
9054	PIL	7047	15	1.06	22.82	0	0.62	0.08	0.45	62
9056	PIL	7067	15.05	0.88	21.75	0.33	0.16	0	-0.18	63
9060	PIL	7029	16.3	1	19.77	0.66	0.67	0.02	-0.5	63
9064	PIL		12.6	1.2	22.5	0	-0.1	0.05	0	57

<sup>1</sup> Prefijo “dep” corresponde al valor genético expresado en DEP.

<sup>2</sup> Exactitud



**Tabla 8. Datos productivos fenotípicos y genéticos - Castrones importados nacidos en 2017 y 2018**

ID	PADRE	PCE12	PVS12	PDF12	KEMP12	depPCE12 <sup>1</sup>	depPVS12 <sup>1</sup>	depPDF12 <sup>1</sup>	Exa <sup>2</sup>
8005	5.385	23.05	1.57	25.96	0	1.82	0.12	1.32	61
8007	5.385	30.54	1.6	28.69	0	2.36	0.1	1.42	58
8011	9.36	27.11	1.55	25.15	0	1.86	0.12	0.81	59
8017	5.385	25.19	1.61	29.94	0	1.88	0.11	1.72	61
8029	5.385	18.89	1.3	26.26	0	1.25	0.07	1.16	60
8031	5.385	23.18	1.02	25.83	0	1.6	0.05	1.14	60
8033	9.36	26.07	1.58	27.42	0	1.74	0.12	1.14	59
8035	5.391	19.09	1.05	24.01	0	0.96	0.05	0.45	63
8037	5.391	23.16	1.24	20.05	0	1.33	0.07	0.01	63
7041	9.36	20.7	1.56	24.5	0	0.83	0.1	0.79	71
7043	9.36	17.69	1.54	24.5	0	0.91	0.12	0.99	58
7045	9.36	21.25	1.84	25.8	0	1.36	0.16	1.16	58
7051	9.36	25.49	2.09	24.4	0	2.01	0.2	1.08	62
7053	9.36	22.96	1.56	25.2	0	1.75	0.15	1.2	62

<sup>1</sup> Prefijo “dep” corresponde al valor genético expresado en DEP.

<sup>2</sup> Exactitud



## EVALUACIÓN GENÉTICA DE CAPRINOS DE ANGORA 2022

### DATOS DE CAMPO

La predicción del mérito genético se basa en la utilización conjunta de los registros de producción y los registros genealógicos disponibles. Los registros comienzan con los nacimientos de 2000. En este informe se analizan los nacimientos hasta el año 2020 inclusive. Se registraron datos de chivitos de ambos sexos y se dispone de información de su tipo de nacimiento. La distribución de registros anuales según sexo y tipo de nacimiento se presenta en la tabla 1.

**Tabla 1. Nacimientos discriminados por año, sexo y tipo de nacimiento**

Año	NC	Sexo		Tipo de Nacimiento		
		Hembra	Macho	simple	mellizo	trillizo
2000	131	57	74	115	16	0
2001	103	42	61	93	10	0
2002	123	57	66	93	27	3
2003	86	41	45	73	10	3
2004	81	44	37	74	7	0
2005	117	58	59	105	12	0
2006	108	53	55	94	14	0
2007	76	33	43	42	34	0
2008	52	20	32	49	3	0
2009	77	43	34	69	8	0
2010	67	30	37	54	13	0
2011	46	15	31	44	2	0
2012	35	17	18	35	0	0
2013	54	28	26	40	14	0
2014	83	40	43	61	22	0
2015	41	22	19	37	4	0
2016	73	34	39	59	14	0
2017	83	39	44	57	26	0
2018	107	48	59	74	33	0
2019	80	33	47	65	15	0
2020	37	18	19	36	1	0
<b>Total</b>	<b>1660</b>	<b>772</b>	<b>888</b>	<b>1369</b>	<b>285</b>	<b>6</b>

*NC: Número de chivitos/as nacidos*



En la tabla 1 se observan 6 trillizos, a los fines de los análisis esos chivitos serán tratados como mellizos. En 2011 el plantel se redujo considerablemente por causa de la caída de cenizas del volcán Puyehue. Desde ese año, hasta el 2014 inclusive, el plantel inició un proceso de recuperación donde los registros fueron escasos y con mucho “ruido” ambiental. Recién en 2015, aunque con un número reducido de animales, se reestablecieron los protocolos tradicionales de registros.

Los chivitos fueron pesados al nacimiento (**PCN**), y a la esquila de 12 meses (**PCE**). En la esquila se registró además el Peso de Vellón Sucio (**PVS**) y se tomaron muestras de mohair de la zona del costillar para ser analizadas en el laboratorio donde se obtuvieron los diámetros medios de fibra (**PDF**). Otros registros como Peso al nacimiento, peso al destete, contenido de fibras meduladas y contenido de kemp se encuentran en la base de datos para próximas evaluaciones.

## PARÁMETROS GENÉTICOS

Se utilizaron los parámetros genéticos descritos en la tabla 2. Con la acumulación de datos, en el futuro estos parámetros serán reestimados para fortalecer el sistema de evaluación.

**Tabla 2. Parámetros genéticos. Heredabilidades (diagonal) y correlaciones genéticas debajo de la diagonal**

	PCE	PDF	PVS
PCE	<b>0.30</b>		
PDF	0.36	<b>0.32</b>	
PVS	0.30	0.27	<b>0.35</b>

*PCE: Peso corporal a la esquila, PDF: Promedio de diámetro de fibras, PVS: peso de vellón sucio*

## EVALUACIÓN GENÉTICA

Desvíos esperados en la progenie (DEP) y exactitudes (Ex).

Los méritos genéticos se presentan como desvíos esperados en la progenie (DEP). En un reproductor, representa el valor genético esperado en el promedio de sus crías y se expresa en la misma unidad de medida de la característica evaluada. Por ejemplo, un castrón con una DEP de 1.2 kg para PCE significa que se espera que su progenie pese en promedio 1.2 kg más que el promedio de la progenie de un castrón de DEP 0.0 kg. Esto siempre y cuando se lo aparee con hembras al azar. La confiabilidad o exactitud de la estimación de los DEP depende de la característica, la cantidad y la calidad de información disponible. En general, exactitudes mayores a 80 son consideradas altas y exactitudes menores a 60 son consideradas bajas.



*Es normal que las exactitudes se presenten cerca del 80-90% para los castrones y alrededor del 60-70% para cabrillas y castroncitos con datos propios, pero algunos animales tienen exactitudes muy bajas (por falta de datos propios, por falta de parientes con información o por estar en grupos contemporáneos con escasa conexión genética) por lo que su evaluación debe ser tomada con precaución.*

Una orientación sobre la exactitud de las evaluaciones de padres está dada por su número de hijos. Además, la distribución de hijos por padre y por año es un indicador de la capacidad de corrección por efecto año que tendrán los análisis. En la tabla 3 se presentan los padres de cabaña utilizados desde el servicio de 2015 con el número de hijos nacidos (**NC**) en base al registro de PCN.

**Tabla 3. N° de crías por castrón por año**

<b>PADRE</b>	<b>2015</b>	<b>2016</b>	<b>2017</b>	<b>2018</b>	<b>2019</b>	<b>2020</b>	<b>NC</b>
1007	.	2	.	.	.	.	2
1009	1	.	.	.	.	.	1
1013	.	4	.	.	.	.	4
1019	3	.	.	.	.	.	3
131	10	.	.	.	.	.	10
175	3	.	.	.	.	.	3
27	.	2	13	.	.	.	15
383	.	.	2	.	.	.	2
4036	.	.	.	.	1	.	1
5.385	.	.	.	7	5	.	12
5.391	.	.	1	6	6	.	13
5003	.	.	6	6	.	.	12
5007	.	.	13	11	.	.	24
5011	.	.	2	.	.	.	2
6001	.	.	.	1	.	.	1
6005	.	.	.	7	7	.	14
6021	.	.	.	.	9	.	9
7029	.	.	.	.	6	3	9
7041	.	.	.	.	7	7	14
7045	.	.	.	.	.	1	1
7047	.	.	.	.	7	.	7
7067	.	.	.	.	2	.	2
7081	.	.	.	.	.	14	14
7168	.	28	.	.	.	.	28
725	.	4	12	.	.	.	16
8033	.	.	.	.	.	5	5
9.306	.	.	.	.	.	1	1
9.36	.	.	6	2	1	.	9
<b>Total</b>	<b>29</b>	<b>56</b>	<b>71</b>	<b>46</b>	<b>62</b>	<b>33</b>	<b>297</b>



Es fundamental para la evaluación utilizar machos “conectores” (2 al menos) entre años, con un buen número de crías en ambos períodos (>20). Puede observarse que los años 2015 y 2016 están “desconectados”. Además, en general, los padres no tienen hijos suficientes para alcanzar niveles óptimos de exactitud.

### Progreso genético

A partir de los registros de producción y de genealogía es posible calcular el valor genético para cada característica y para cada animal de la base de datos. Los DEP son comparables entre años por lo que es posible calcular una tendencia o progreso genético promediando estos valores para animales de un mismo año de nacimiento. Para calcularlo, al igual que los DEPs, se consideró al año 2015 como base de comparación, año en que se retomaron las evaluaciones genéticas. Los valores de cría (EBV) promedio para ese año se describen en la tabla 4.

**Tabla 4. Valores de Cría (VC) promedio para el año base**

PCE	PVS	PDF
-0.19 kg	-0.02 kg	0.0 mic

En la figura 1 podemos observar el progreso genético, expresado como valor de cría (EBV = DEP\*2), desde los nacimientos de 2015 para las 3 características evaluadas.

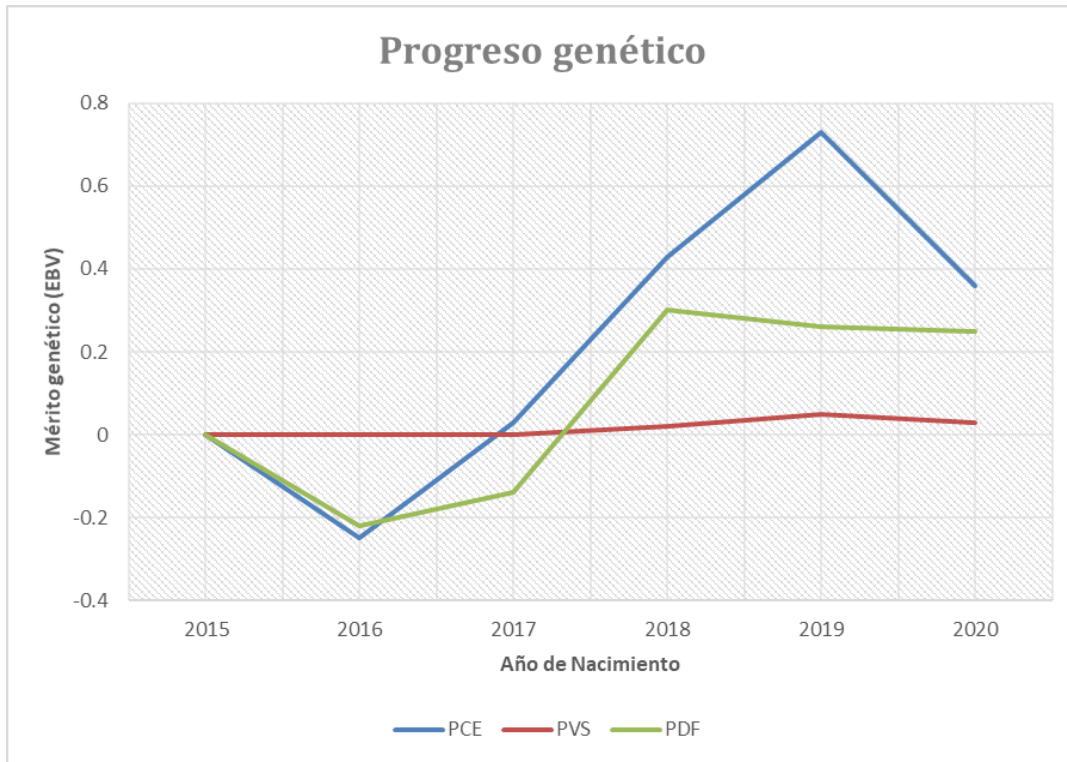


Figura 1. Progreso genético para Peso corporal a la esquila (PCE), Promedio de diámetro de fibras (PDF) y Peso de vellón sucio (PVS).

### Listados de mérito genético

En las tablas 5, 6, 7 y 8 se presentan los listados de mérito genético para Padres, Castroncitos 2D, Cabrillas 2D y Castrones 4D y 6D importados, respectivamente.

El resumen de padres puede presentar cambios año a año debido a la incorporación de nueva información, con los años se irá ganando robustez en la evaluación. En la medida en que se acumule información y se consoliden los procedimientos, la exactitud y calidad de los resultados mejorarán.





## CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

### Progresos genéticos

Los progresos genéticos de la figura 1 muestran un mantenimiento, sin cambios del nivel genético, del PVS y tendencias al incremento de PCE y PDF, siendo más importante en la primera. Sin embargo, el último año muestra una caída en PCE, probablemente debido al desempeño del castrón 7081.

En los últimos 5 servicios se han incorporado castrones de origen australiano y sudafricano sin evaluación genética previa. Estas incorporaciones son beneficiosas para incrementar la variabilidad genética pero a su vez impactan impredeciblemente en el progreso genético del plantel.

### Padres de cabaña

Los castrones importados nacidos de embriones, tienen como patrón el aumentar el peso corporal, incrementar el diámetro de fibras del mohair y mantener el peso de vellón. Sin embargo, estos resultados hay que tomarlos con precaución ya que presentan efectos ambientales que no pudieron ser removidos en la predicción de los valores genéticos (madres criollas, tratamientos nutricionales y cuidados particulares). Además, la exactitud de las predicciones es aún baja debido a la falta de hijos con registros productivos. A través del seguimiento de sus crías estos valores se ajustarán mejor en próximas evaluaciones.

De los castrones propios del plantel, el 7029 fue el castrón que mostró mejor desempeño genético dado por el balance entre las 3 características evaluadas. Aquí también la exactitud de las predicciones es aún baja. Se recomienda su uso como conector.

### Nuevos padres

Para evaluar mejor a los castrones importados es recomendable usarlos como padres y que, en su origen, provengan de distintas líneas genéticas. En este sentido se recomienda para el servicio 2022 el uso del siguiente castrón: 8037 (conector).

Respecto a los castrones de origen de la cabaña, por su desempeño genético, se recomiendan los siguientes castrones: 9053 y 9013.

### Madres y cabrillas

Refugar madres de dentición menor a la categoría “medio diente”.

Se sugiere revisar a las cabrillas de mejores DEP y rechazar a las inferiores. Aquellas cabrillas con defectos fenotípicos también deben refugarse.



### Futuras evaluaciones

Idealmente debe ponderarse cada DEP con su importancia económica y de acuerdo a un objetivo más global e integrador de selección diseñar un “índice de selección”. Se realizará para la próxima evaluación el ejercicio de ponderación económica de cada característica evaluada para construir índices de selección que facilitan el proceso de selección.

También se empezará a incluir información del mérito genético para contenido de KEMP, Peso corporal al destete y prolificidad en madres.

*La metodología utilizada responde a estándares internacionales (BLUP - Modelo Animal).*



**Tabla 5. Listado de padres con progenie 2015-2019 con sus DEP y exactitudes**

ID	Origen	PADRE	ANPad	PCE12	PVS12	PDF12	depPCE12 <sup>1</sup>	depPVS12 <sup>1</sup>	depPDF12 <sup>1</sup>	Exa <sup>2</sup>	NT <sup>3</sup>
5.385	SUD		2015				2.14	0.11	1.62	65	12
5.391	SUD		2015				1.36	0.1	0.83	67	13
9.306	SUD		2015				0.2	0.04	0.25	27	1
9.36	SUD		2015				1.73	0.17	1.33	64	9
27	AUS		2007				-0.57	-0.05	-0.5	72	15
131	CAM		2011				-0.15	-0.03	0.13	65	10
175	CAM		2011				0.45	0.02	-0.24	41	3
383	PIL	1019	2015	15.5	0.97	23.54	-0.45	-0.05	0.36	61	2
725	AUS		2007				-0.12	0.04	-0.27	73	16
1007	PIL	19	2011				-0.12	0.01	-0.01	36	2
1009	PIL	7106	2011				-0.08	-0.01	-0.05	27	1
1013	PIL		2011				-0.23	0.03	0.59	49	4
1019	PIL	8437	2011				-0.38	-0.03	0.09	49	3
4036	SUD		2015				0.35	0.02	0.01	28	1
5003	PIL	1019	2015	16	1	21.37	-0.12	-0.01	-0.22	76	12
5007	PIL	131	2015	16.5	0.97	22.45	-0.8	-0.1	-0.29	81	24
5011	PIL	175	2015	13	0.9	20.61	0.17	0.01	-0.4	63	2
6001	PIL	7168	2016	21.5	1.31	22.74	0.11	0.02	-0.06	62	1
6005	PIL	27	2016	18	1.32	22.45	-0.58	-0.02	-0.45	78	14
6021	PIL	7168	2016	20.5	1.48	22.59	-0.06	0	-0.09	72	9
<b>7029</b>	<b>PIL</b>		<b>2017</b>	<b>20.69</b>	<b>1.28</b>	<b>20.32</b>	<b>1.34</b>	<b>0</b>	<b>-0.21</b>	<b>73</b>	<b>9</b>
<b>7041</b>	<b>SUD</b>	<b>9.36</b>	<b>2017</b>	<b>20.7</b>	<b>1.56</b>	<b>24.5</b>	<b>0.98</b>	<b>0.09</b>	<b>0.62</b>	<b>76</b>	<b>14</b>
<b>7045</b>	<b>SUD</b>	<b>9.36</b>	<b>2017</b>	<b>21.25</b>	<b>1.84</b>	<b>25.8</b>	<b>1.36</b>	<b>0.17</b>	<b>1.08</b>	<b>61</b>	<b>1</b>
7047	SUD	5.391	2017	25.38	2.11	26.9	1.37	0.15	0.88	71	7
7067	PIL	725	2017	18.26	1.26	19.36	0.38	0.03	-0.26	65	2
<b>7081</b>	<b>PIL</b>		<b>2017</b>	<b>16.61</b>	<b>1.1</b>	<b>20.3</b>	<b>-0.34</b>	<b>-0.01</b>	<b>0.02</b>	<b>72</b>	<b>14</b>
7168	AUS		2007				-0.43	-0.02	-0.32	75	28
<b>8033</b>	<b>SUD</b>	<b>9.36</b>	<b>2018</b>	<b>26.07</b>	<b>1.58</b>	<b>27.42</b>	<b>0.79</b>	<b>0.08</b>	<b>1.14</b>	<b>68</b>	<b>5</b>

<sup>1</sup> Prefijo "dep" corresponde al valor genético expresado en DEP.

<sup>2</sup> Exactitud

<sup>3</sup> Número de Crías

En **negrita**, padres utilizados en último servicio



**Tabla 6. Datos productivos fenotípicos y genéticos - Castroncitos nacidos en 2020**

ID	PADRE	PCE12	PVS12	PDF12	KEMP12	depPCE12 <sup>1</sup>	depPVS12 <sup>1</sup>	depPDF12 <sup>1</sup>	Exa <sup>2</sup>	inb1	ObsNacDest
0001	7029	30.45	2.03	24.44	0	1.21	0.02	-0.22	64	0	afectado x ATF
0003	7029	30.55	1.4	23.16	0	1.15	-0.04	-0.16	63	0	
0005	8033	17.75	1.84	26.51	0	-0.63	0.02	0.81	62	0	
0007	7041	17.7	1.3	20.4	0	-0.52	-0.05	-0.19	64	0	
0011	7081	25.9	2.13	23.41	0	0.09	0.03	-0.34	63	0	
0013	7041	24.15	1.91	28.62	0	0.21	0.03	0.68	64	0	afectado x ATF
0015	7081	27.9	2.78	28.56	0	0.32	0.1	0.51	63	0	
0017	7041	35.5	2.78	26.65	0	1.64	0.13	0.32	63	0	
0019		28.3	2.31	24.88	0	0.64	0.06	-0.15	58	0	
0021	7081	20.5	1.48	23.36	0	-0.72	-0.05	-0.14	60	0	
0023	7081	24.45	1.72	24.63	0	-0.19	-0.02	0.01	62	0	
0025	7041	24.5	1.48	20.66	0	0.29	0.01	-0.27	62	0	
0027	7081	17.65	1.33	23.22	0	-1.06	-0.08	-0.05	62	0	
0029	7081	23.55	1.68	23	0	-0.26	-0.04	-0.23	62	0	
0033	8033	17.4	1.3	22.52	0	-0.61	-0.04	0.3	62	0	
0035	7081	21.05	1.38	21.59	0	-0.13	-0.04	-0.33	62	0	
0037	7081	32.2	2.62	27.61	0	0.73	0.07	0.43	62	0	
0039	8033	22.9	2.35	27.53	0	0.23	0.11	0.85	62	0	

<sup>1</sup> Prefijo "dep" corresponde al valor genético expresado en DEP.

<sup>2</sup> Exactitud



**Tabla 7. Datos productivos fenotípicos y genéticos - Cabrillas nacidas en 2020**

ID	PADRE	PCE12	PVS12	PDF12	KEMP12	depPCE12 <sup>1</sup>	depPVS12 <sup>1</sup>	depPDF12 <sup>1</sup>	exa <sup>2</sup>	inb1
0004	7041	20.35	1.97	23.74	0	0.49	0.09	0.31	63	0
0006	7029	24.25	1.51	19.67	0	1.19	0.01	-0.71	62	0
0008	7081	17.95	1.75	26.41	0	-0.28	0.02	0.26	62	0
0010	7041	18.25	1.53	23.82	0	0.46	0.05	0.21	63	0
0012	8033	19.7	1.66	25.1	0	0.39	0.03	0.73	62	0
0016		17.7	1.71	24.43	0	-0.27	0.03	0.21	56	0
0020	7081	17.1	1.36	22.41	0	-0.66	-0.05	-0.21	63	0
0022	7081	15.6	1.05	23.71	0	0.06	-0.02	0.49	62	0
0024	7045	23.25	2.07	24.06	0	1.01	0.13	0.46	58	0
0026	7081	22.8	1.73	22.38	0	0.1	0	-0.28	62	0
0028	7041	25	1.76	23.79	0	1.07	0.06	0.29	64	0
0032		18.75	1.68	22.84	0	0.04	0.03	-0.02	58	0
0034	7081	16.2	1.44	21.29	0	-0.38	0	-0.27	62	0
0036	7081	17.1	1.53	24.79	0	-0.25	0	0.22	61	0
0038	8033	19.15	1.41	25	0	0.44	0.02	0.66	62	0

<sup>1</sup> Prefijo “dep” corresponde al valor genético expresado en DEP.

<sup>2</sup> Exactitud

**Tabla 8. Datos productivos fenotípicos y genéticos - Castrones importados nacidos en 2017 y 2018**

ID	PADRE	PCE12	PVS12	PDF12	KEMP12	depPCE12 <sup>1</sup>	depPVS12 <sup>1</sup>	depPDF12 <sup>1</sup>	Exa <sup>2</sup>
8005	5.385	23.05	1.57	25.96	0	1.82	0.12	1.32	61
8007	5.385	30.54	1.6	28.69	0	2.36	0.1	1.42	58
8011	9.36	27.11	1.55	25.15	0	1.86	0.12	0.81	59
8017	5.385	25.19	1.61	29.94	0	1.88	0.11	1.72	61
8029	5.385	18.89	1.3	26.26	0	1.25	0.07	1.16	60
8031	5.385	23.18	1.02	25.83	0	1.6	0.05	1.14	60
8033	9.36	26.07	1.58	27.42	0	1.74	0.12	1.14	59
8035	5.391	19.09	1.05	24.01	0	0.96	0.05	0.45	63
8037	5.391	23.16	1.24	20.05	0	1.33	0.07	0.01	63
7041	9.36	20.7	1.56	24.5	0	0.83	0.1	0.79	71
7043	9.36	17.69	1.54	24.5	0	0.91	0.12	0.99	58
7045	9.36	21.25	1.84	25.8	0	1.36	0.16	1.16	58
7051	9.36	25.49	2.09	24.4	0	2.01	0.2	1.08	62
7053	9.36	22.96	1.56	25.2	0	1.75	0.15	1.2	62

<sup>1</sup> Prefijo “dep” corresponde al valor genético expresado en DEP.

<sup>2</sup> Exactitud



ID	PCa	PVSa	PDFa	PADRE	PCE12	PVS12	PDF12	KEMP12	depPCE12	depPVS12	depPDF12	exa	inb1	ObsNacDest
7041				9.36	20.7	1.56	24.5	0	0.98	0.09	0.62	76	0	IMPORTADO
7043				9.36	17.69	1.54	24.5	0	0.8	0.12	0.94	59	0	IMPORTADO
7045				9.36	21.25	1.84	25.8	0	1.36	0.17	1.08	61	0	IMPORTADO
7047				5.391	25.38	2.11	26.9	0	1.37	0.15	0.88	71	0	IMPORTADO. Muerto x Nieve
7051				9.36	25.49	2.09	24.4	0	1.91	0.2	1.03	62	0	IMPORTADO
7053				9.36	22.96	1.56	25.2	0	1.66	0.15	1.15	62	0	IMPORTADO
8005				5.385	23.05	1.57	25.96	0	1.77	0.11	1.28	61	0	IMPORTADO
8007				5.385	30.54	1.6	28.69	0	2.3	0.09	1.38	58	0	IMPORTADO
8011				9.36	27.11	1.55	25.15	0	1.73	0.11	0.77	59	0	IMPORTADO. Muerto x Nieve
8017				5.385	25.19	1.61	29.94	0	1.82	0.1	1.69	61	0	IMPORTADO
8029				5.385	18.89	1.3	26.26	0	1.19	0.06	1.13	60	0	IMPORTADO. Muerto en servicio en Valcheta
8031				5.385	23.18	1.02	25.83	0	1.55	0.04	1.1	60	0	IMPORTADO. Muerto post nevada
8033				9.36	26.07	1.58	27.42	0	0.79	0.08	1.14	68	0	IMPORTADO
8035				5.391	19.09	1.05	24.01	0	0.95	0.04	0.42	63	0	IMPORTADO. Muerto post nevada
8037				5.391	23.16	1.24	20.05	0	1.33	0.06	-0.02	63	0	IMPORTADO
9001							26.47	0	0.24	0.04	0.85	26	0	IMPORTADO. NQN
9003				5.385	22.5	1.36	23.36	0	1.53	0.09	0.81	59	0	IMPORTADO.
9005				5.391			23.13	0	0.74	0.06	0.51	43	0	IMPORTADO. LN.NQN
9007					20.2	1.41	22.91	0	0.58	0.08	0.19	55	0	IMPORTADO.
9011				5.385			27.74	0	1.22	0.08	1.41	43	0	IMPORTADO. NQN
9013				9.36			23.48	0	0.92	0.09	0.69	42	0	IMPORTADO. NQN



## INSTITUCIONES PARTICIPANTES



Instituto Nacional de  
Tecnología Agropecuaria



Secretaría de Agricultura,  
Ganadería y Pesca



Ministerio de Economía  
**Argentina**

Secretaría Técnica Administrativa



Con el apoyo de:



[www.fontagro.org](http://www.fontagro.org)

Correo electrónico: [fontagro@fontagro.org](mailto:fontagro@fontagro.org)