



## ¿Por qué “creer” en los datos de las evaluaciones genéticas?

### Metodologías para el mejoramiento genético animal

Desde la domesticación del ganado se ha buscado obtener animales superiores genéticamente apareando a los “mejores” entre sí. Esto se hizo inicialmente como un arte y se transformó en una ciencia con la implementación de metodologías estadísticas. Los métodos de mejoramiento genético actuales han tenido un desarrollo de más de 100 años que involucró la contribución de múltiples científicos que lograron progresos en metodologías sin las cuales sería imposible implementar sistemas de evaluación genética poblacionales. Estas innovaciones han permitido predecir con precisión el valor genético (valor de cría) de los animales candidatos a la selección en diferentes especies como bovinos de leche, bovinos de carne, aves, cerdos y ovinos.

En este sentido, Charles Roy Henderson (1911-1989) marcó un hito en la utilización de los modelos estadísticos en mejoramiento genético a través de sus desarrollos. Dentro de los principales se puede enumerar la incorporación de modelos mixtos (modelos que incluyen efectos fijos y aleatorios) en la estimación de componentes de varianza (por ejemplo, varianza genética aditiva) en diseños con estructura desbalanceada (es decir, cuando el número de observaciones no es igual entre grupos o categorías, como ocurre al tener distinto número de animales por establecimiento, sexo o año), que son típicos en sistemas ganaderos (Henderson, 1953), y más adelante, la introducción del concepto de Mejor Predictor Lineal Insesgado (BLUP por sus siglas en inglés: *Best Linear Unbiased Predictor*) para la estimación y predicción de valores genéticos (Henderson, 1973). Los modelos mixtos pueden ser utilizados para computar el BLUP en lo que en la actualidad se conoce como el modelo animal (Gianola y Rosa, 2015). Las predicciones BLUP permiten comparaciones entre individuos de la población que difieren en edad, provienen de diferentes predios, son de diferente sexo, etc. y cantidad de información fenotípica (registros de características) sobre ellos y sus familiares e incorporan múltiples características. Así, por ejemplo, las tendencias genéticas (cambios en el valor genético de las poblaciones) a lo largo de años y generaciones pueden estimarse y diferenciarse de las tendencias ambientales (Henderson et al. 1959). Los avances científicos a nivel de algoritmos computacionales han permitido complejizar los modelos para analizar distintas estructuras y cantidad de datos, lo que ha permitido la implementación de estos modelos en evaluaciones genéticas poblacionales, que comenzaron para ganado lechero y luego se adoptaron en otras especies.

Más recientemente, un estudio con simulaciones mostró el impacto en la precisión de la utilización de marcadores moleculares (Meuwissen y colaboradores, 2001), marcando el comienzo de lo que hoy conocemos como evaluaciones genómicas. Es decir, el uso directo de información del ADN de los animales en sus evaluaciones. En este sentido, dos equipos de trabajo, entre los que se encuentra el investigador uruguayo Ignacio

Aguilar, marcan un hito con el desarrollo de un modelo que combina la información genómica con el pedigrí en un solo paso (Aguilar y colaboradores, 2010 y Christensen y Lund, 2010). Este modelo, se ha convertido en la actualidad en el más utilizado en evaluaciones genómicas de diferentes especies a nivel mundial (Misztal et al., 2020).

### **Reseña del mejoramiento genético ovino en Uruguay**

Uruguay ha aplicado métodos de mejora genética animal desde hace unos 100 años. A continuación, se presenta una breve reseña histórica que se basa en gran medida en el trabajo de Gimeno y Cardellino (2006), quienes documentaron de forma detallada la evolución de los programas de mejoramiento genético ovino en Uruguay. A partir de su aporte, se resumen los principales hitos y herramientas utilizadas en el país.

En 1935 hay un punto de inflexión con la creación de la Comisión de Mejoramiento Ovino. Uno de sus aportes fue la implementación de un sistema de tatuajes para identificar animales superiores: los corderos eran evaluados antes de la primera esquila y aquellos que cumplían con los estándares de tipo racial recibían un tatuaje; al año siguiente podían obtener un segundo tatuaje si mantenían o mejoraban su desempeño. Este mecanismo, aún vigente, orientó desde el inicio a los productores y contribuyó a aumentar la productividad mediante la eliminación temprana de animales con defectos importantes.



#### **1) Servicio de Flock Testing (1969 a la actualidad)**

En 1969 se puso en marcha en Uruguay el servicio de *Flock Testing*, implementado por el SUL, con la finalidad de introducir evaluaciones más objetivas en los programas de mejora genética ovina. Este sistema incorporó registros individuales de características clave para la producción, como peso de vellón y peso vivo, a los que luego se sumaron mediciones de laboratorio como rendimiento al lavado, longitud y diámetro promedio de fibra, coeficiente de variación del diámetro y factor de comodidad.

## 2) Definición de criterios y objetivos de selección

Con el transcurso de los primeros 15 años de funcionamiento del *Flock Testing* se vio necesario definir de manera formal los objetivos de selección y los criterios asociados. Basándose en estudios de costos e ingresos de los sistemas comerciales en Uruguay (Ponzoni, 1979; Cardellino y Ponzoni, 1986), se estableció que las metas debían contemplar el peso de vellón limpio, el número de corderos al destete, el peso al destete y el peso adulto. A partir de ello se calcularon valores económicos relativos para cada característica y se desarrollaron índices de selección, que desde 1986 se incluyen en los reportes de *Flock Testing* y que han sido actualizados en décadas posteriores.



## 3) Centrales de Prueba de Progenie (1994-2002)

En 1994 comenzaron a funcionar en Uruguay las Centrales de Prueba de Progenie (CPP), cuyo objetivo era comparar el desempeño genético de carneros provenientes de distintas cabañas bajo un mismo ambiente. Estas experiencias, impulsadas por



sociedades de criadores y con soporte técnico del SUL, marcaron un hito al introducir el concepto de padre de referencia y al generar condiciones para el inicio de evaluaciones genéticas poblacionales en ovinos. Con el tiempo, sin embargo, las CPP dejaron de operar debido a limitaciones en la cantidad de carneros evaluados, la castración frecuente de su descendencia y la dificultad de identificar sistemáticamente a los individuos genéticamente superiores en cada establecimiento.

#### 4) Evaluaciones genéticas poblacionales (2001-actualidad)

Luego se introdujo la metodología que permite evaluar simultáneamente varios caracteres (BLUP multicaracter) y el concepto de diferencia esperada en la progenie (DEP =  $\frac{1}{2}$  del valor de cría) reemplazando el uso tradicional de selección fenotípica. Además, se incluyeron nuevas características: HPG (huevos por gramo de materia fecal) como indicador de resistencia genética a parásitos gastrointestinales, área de ojo de bife y espesor de grasa, entre otros. Las DEP, resultado de la metodología BLUP, permiten, como se mencionó anteriormente, la comparación de animales independientemente del establecimiento de nacimiento y crianza, manejo, año de nacimiento, etc. sirviendo como la herramienta más adecuada para la selección de reproductores.

A continuación, se presenta un cuadro comparativo de herramientas generadas y su utilidad en la selección de animales (Flock Testing, CPP, DEPs).

Herramienta	Flock Testing	Central de prueba de progenie	Evaluación genética poblacional
Compara animales dentro de grupo de manejo	✓	✓	✓
Compara animales entre planteles	✗	✓	✓
Ajusta por manejo y ambiente	✗	✓	✓
Incluye información genealógica	✗	✓	✓
Permite comparar entre generaciones	✗	✗	✓
Bajo costo anual / costo de mantenimiento	✓	✗	✓
Alcance poblacional de los resultados	✗	✗	✓

### Presente y futuro de las evaluaciones genéticas en Uruguay

Desde hace más de dos décadas, Uruguay cuenta con evaluaciones genéticas ovinas poblacionales que se llevan a cabo gracias al esfuerzo conjunto del Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, SUL y las sociedades de criadores de razas ovinas, en el marco de un convenio que también incluye la Asociación Rural del Uruguay (ARU) y





Facultad de Agronomía de la Universidad de la República, como socios en la investigación.

En la actualidad, se evalúan genéticamente 12 razas, ingresan por año unos 20.000 corderos y hay más de 400.000 animales evaluados. Los datos se publican rutinariamente en la web [www.geneticaovina.com.uy](http://www.geneticaovina.com.uy) en la que además se publican tendencias genéticas y percentiles de las razas. En este sitio se pueden ver públicos todos los animales evaluados y seleccionar en base a múltiples filtros, incluidos niveles de las características.

Tanto a nivel comercial como en el ámbito académico se han utilizado las DEP y los índices en la selección de animales, demostrando que con genética uruguaya es posible lograr progreso en las características deseadas. En este sentido, recientemente se publicaron tendencias genéticas para HPG del núcleo de resistencia a parásitos gastrointestinales de Facultad de Agronomía (van Lier et al. 2025) y de producción y calidad de lana para el Núcleo Genético Ultrafino del CRILU (Ciappesoni et al. 2025). En ambos casos, se observa que se han mejorado las majadas por la utilización de animales con DEPs en los percentiles superiores. En el mismo sentido, a nivel poblacional, se han logrado conquistas por la utilización de DEPs e índices de selección, como la producción de animales que presentan mayor peso de vellón con menor diámetro de fibra (Aguerre y Guillenea, 2024).

En los últimos años, Uruguay ha logrado avances significativos en la genómica ovina. Gracias a diversos proyectos nacionales e internacionales, se han incorporado marcadores moleculares tanto para características tradicionales como para otras más recientes, tales como la eficiencia en la conversión alimenticia y las emisiones de metano, especialmente en razas como Merino, y estos desarrollos se están extendiendo a otras razas. Estas herramientas permiten una selección más precisa de animales con alto mérito genético, optimizando la productividad y sostenibilidad de los sistemas ovinos.

El esfuerzo interinstitucional, sostenido por más de dos décadas, ha sido reconocido en actividades como Expo Prado, donde se distingue a las cabañas con mejores índices genéticos, reflejando el compromiso del sector con la innovación y la mejora continua.

Las evaluaciones genéticas ovinas en Uruguay surgen entonces, en un camino de mejora por brindar las herramientas más adecuadas para la selección de animales, y así adaptar la genética, a las demandas presentes y futuras. Se aplican métodos estadísticos con décadas de desarrollo y utilizados a nivel mundial. Esto ha llevado a cambios sustanciales en las majadas nacionales.

Desde las instituciones seguimos con el compromiso de colaborar para que los productores cuenten con más herramientas para mejorar genéticamente sus majadas en busca de animales productivos, resistentes a enfermedades, eficientes y resilientes.



No se trata de “creer” en los datos, se trata de creer en el desarrollo de la ciencia y en un sistema de co-creación, que ha demostrado en diferentes características productivas, reproductivas y sanitarias, ser la herramienta adecuada para la selección en diferentes especies.

## **Agradecimientos**

Quiero agradecer los valiosos aportes del Dr. Sergio Fierro, el Ing. Agr. Gabriel Ciappesoni y el Ing. Agr. Diego Gimeno.

## **Bibliografía consultada**

- Aguerre, J.I. y Guillenea, A. (2024). Participación de SUL en el Congreso Mundial de Corriedale en Perú. Revista SUL, octubre 2024.
- Aguilar, I., Misztal, I., Johnson, D. L., Legarra, A., Tsuruta, S., Lawlor, T. 2010. Hot topic: a unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. J. Dairy Sci. 93:743–752.
- Cardellino, R. C., & Ponzoni, R. W. (1986). Breeding programmes for multiple purpose breeds in Uruguay.
- Ciappesoni, G., Guillenea, A., De Barbieri, I., Ramos, Z., Tafernaberry, A., Vera, B., Gimeno, D., van Lier, E., Montossi, F. (2025). Tendencias genéticas del Núcleo Genético Ultrafino (CRILU) y la población evaluada Merino del Uruguay. INIA Serie Técnica; 273.
- Christensen, O. F., y Lund M. S. 2010. Genomic prediction when some animals are not genotyped. Genet. Sel. Evol. 42:2.
- Gianola, D., y Rosa, G. J. (2015). One hundred years of statistical developments in animal breeding. Annu. Rev. Anim. Biosci., 3(1), 19-56.
- Gimeno, D., y Cardellino, R. C. (2006). Genetic evaluation of sheep for wool and meat production in Uruguay.
- Henderson, C. R. (1953). Estimation of variance and covariance components. Biometrics, 9(2), 226-252.
- Henderson, C. R. (1973). Sire evaluation and genetic trends. Journal of Animal Science, 10-41.
- Meuwissen, T., Hayes, B., Goddard, M. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. Genetics 157:1819–1829.
- Misztal, I., Lourenco, D., Legarra, A. 2020. Current status of genomic evaluation. Journal of Animal Science, 98(4).
- Ponzoni, R. W. (1979). Objectives and selection criteria for Australian Merino sheep.
- van Lier, E., Burton, A., Vera, B., Romaniuk, E., Carracelas, B., Viera, S., Fros, D., Rodriguez Palma, R., Guerra, M.H., Möller, R., Ciappesoni, G. 2025. Evolución del Núcleo Merino Australiano de Resistencia a Parásitos Gastrointestinales de Facultad de Agronomía y los aportes del CRILU. INIA Serie Técnica; 273.