ITEA (1996), Vol. 92A N.º 3, 44-56

# PROBLEMÁTICA DEL DESARROLLO DE UN PROGRAMA DE MEJORA GENÉTICA EN PROLIFICIDAD EN LA RAZA *RASA ARAGONESA*

**J.J. Jurado García**
**Mª J. Espinosa Pascual**

Área de Mejora Genética Animal
INIA. Apdo. 8111
28080 MADRID

RESUMEN

Se presenta un protocolo para desarrollar un programa de selección genética en caracteres reproductivos en el ganado ovino de raza Rasa Aragonesa. Dicho programa se lleva a cabo por la cooperativa CarneAragon S.C.L., en colaboración con el Servicio de Investigación Agraria de la Diputación General de Aragón (SIA) y el Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias (INIA).

El esquema de selección está basado en la conexión de rebaños mediante inseminación artificial, y en la selección de reproductores en función de su mérito genético obtenido mediante metodología BLUP modelo animal. Se asume el modelo umbral. Se comprueba que la utilización de modelos lineales en la evaluación genética conduce a clasificaciones semejantes a las conseguidas mediante modelos no lineales.

**Palabras clave:** Mejora Genética, caracteres reproductivos, raza Rasa Aragonesa.

SUMMARY

A selection scheme to improve reproductive traits in Rasa Aragonesa sheep breed is presented. Implementation of this scheme will be carried out by the producers cooperative CarneAragon S.C.L in conjuntion with technical support from regional (SIA) and national (INIA) Agricultural Research Institutions.

The selection scheme is based on records from comercial herds throught AI (artificial insemination) and BLUP animal model predictions of genetics merits as selection criteria. A threshold model is assumed and compared to the use of a linear model. Genetic evaluations using linear models were found to produce similar ranking of animal as the are obtained throught non-linear models.

**Key words:** Animal breeding, reproductives traits, Rasa Aragonesa sheep breed.

## Introducción

En todos los sistemas de producción de ganado ovino la alimentación constituye siempre el factor más importante de entre los que integran los costes de una explotación ganadera. La fuente principal de ingresos es el número de corderos por oveja y año, que están estrechamente ligados a las características reproductivas del ganado. Está aceptado generalmente que los incre-

mentos en la prolificidad y fertilidad de las ovejas no incrementan de forma notable los gastos de alimentación (CASTELLANO y col., 1986).

De todo lo anterior se puede deducir que en poblaciones ovinas mantenidas en situaciones semi-extensivas (en las que el ganadero contribuye, al menos en parte, a la alimentación del ganado) la mejora de los caracteres reproductivos se constituye en el principal objetivo de selección de la raza.

El propósito de estas líneas es presentar un posible protocolo de actuación para llevar a cabo un programa de selección genética en prolificidad en rebaños de raza Rasa Aragonesa. Dicho programa se llevará a cabo mediante un convenio de colaboración entre la empresa privada Carne Aragón S.C. (que funciona en régimen de cooperativa), el SIA de Aragón y el CIT-INIA de Madrid. El SIA se encargará de los aspectos técnicos del programa en lo que se refiere a la reproducción y el CIT-INIA en los referentes a la Mejora Genética.

## Características reproductivas de la Rasa Aragonesa

La prolificidad media de la raza, estimada a partir de datos recopilados por la propia empresa en 1993 y 1994, es de 1,31 corderos por parto, con valores máximo y mínimo de 1,7 y 1,1. La fertilidad está cifrada en 1,11 partos por oveja y año, oscilando entre 1,28 y 1,09 (VALDEMOROS, 1996).

La inseminación artificial (IA), llevada a cabo por los técnicos de la empresa, presenta un valor medio de 0,53 para la fertilidad, de 0,8 para la fecundidad y 1,5 para la prolificidad (BRU, 1995).

La heredabilidad del carácter prolificidad en el primer parto oscila entre 0,07 y 0,21, y entre 0,15 y 0,17 si se incluye un segundo parto (OCCON, 1988). La repetibilidad, según el mismo autor, oscila entre 0,11 y 0,16. En los estudios que se incluyen en esta publicación se tomarán como valores de trabajo 0,05 para la heredabilidad y 0,10 para la repetibilidad.

## Medios involucrados

La empresa involucra en el programa de selección unos 60 rebaños, que incluyen 36.000 ovejas. Estas explotaciones son atendidas por el personal técnico de la empresa, la cual recoge los carnet de paridera cada tres meses. Se cuenta con la colaboración del control de producciones de la DGA de Aragón para la informatización de la información recogida.

El programa cuenta con la colaboración de un centro de inseminación artificial (CIA) donde entran los futuros sementales (se prevé 20 al año) para ser entrenados en eyaculación en vagina artificial y donde se procede a la extracción de semen según los esquemas operativos de la empresa. Este centro es el CERSYRA de Movera. La IA es llevada a cabo por los técnicos de la empresa según un protocolo proporcionado por el SIA de Aragón. Con los medios involucrados se estima que se podrán hacer 3.000 inseminaciones anuales.

La valoración genética de reproductores se llevará a cabo en el CIT-INIA de Madrid, que será el responsable de los detalles técnicos de la misma. Asimismo, elaborará el esquema de selección, estimará el progreso genético esperado y calculará la tendencia

genética de la población incluida en el programa.

Los 60 rebaños colaboradores se constituirán en un núcleo de selección del cual procederán animales prolíficos que difundirán la mejora entre los demás rebaños de la cooperativa (base de selección).

## Modelo

La característica más notable del carácter objeto de selección en este programa es la naturaleza discreta del mismo, ya que presenta sólo dos clases numéricas: parto simple (1) o parto doble (2) (exhiben el carácter o son prolíficas) (los partos triples se producen con frecuencia muy baja). En todos los estudios que se llevarán a cabo en el programa de selección se asumirá que la prolificidad se comporta de acuerdo con el modelo umbral (WRIGHT, 1934).

Como es bien sabido el modelo umbral supone la existencia de dos escalas de medida para los caracteres de expresión discreta. Una escala visible que incluye un reducido número de posibles clases (dos en este caso) y una escala subyacente de naturaleza continua que se ha dado en llamar "liability" o predisposición. La relación entre ambas escalas de medida viene dada por la existencia de un valor umbral en la escala subyacente, de tal manera que si el animal no supera el umbral pertenecerá a la clase 1 y si lo supera pertenecerá a la clase 2 y exhibirá la cualidad de prolífica (Figura 1).

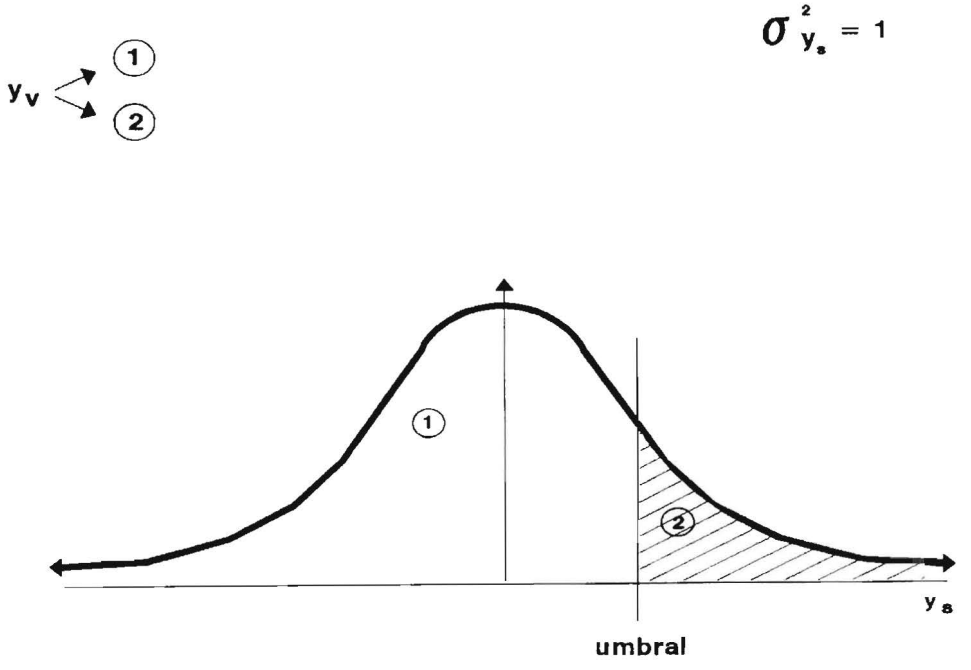



Figura 1. Relación entre la escala visible y la subyacente

Al haber dos escalas de medida se deben definir tanto el fenotipo como el genotipo en ambas escalas. El fenotipo en la escala visible ($y_V$) es el valor observado de la prolificidad. El valor fenotípico en la escala subyacente es el valor de la variable en la escala continua ($y_S$) y que se considera formada por la suma del valor genético ( $u_S$) y de la desviación ambiental residual ($\varepsilon_S$), ambos en la misma escala. El genotipo se considera que está constituido por genes aditivos con efectos de sustitución génica muy pequeños. Las circunstancias ambientales de gran efecto (identificables) en las que tiene lugar el parto influyen en la prolificidad del animal a través de la escala subyacente, alterando el valor fenotípico ys. Así un modelo lineal operacional para la prolificidad en la escala subyacente podría ser:

$$y_S = u + R_i + A_j + E_k + Ed_n + T_r + ... + u_S + \\ + \varepsilon_p + \varepsilon_S$$

donde :

- $y_S$ es el valor fenotípico en la escala subyacente
- $R_i$ es el efecto del rebaño
- $A_j$ es el efecto del año de parto
- $E_k$ es el efecto de la estación de parto
- $Ed_n$ es el efecto de la edad al parto
- $T_r$ es el efecto del tratamiento (sincronización o no)
- $u_S$ es el efecto del genotipo en la escala subyacente
- $\varepsilon_p$ es el efecto permanente
- $\varepsilon_S$ es el residuo

El valor $y_S$ superaría el umbral en mayor o menor medida de acuerdo con la magnitud de los efectos ambientales identificables.

El valor genético en la escala visible ($u_V$) se define como la proporción de ambientes en los cuales el animal exhibe el carácter (pertenecen a la escala visible 2), o bien, como la proporción de individuos que para un valor determinado de $u_S$ son de parto doble (DEMSPTER y LERNER, 1950). Por consiguiente, $u_V$ presenta valores que oscilan de 0 a 1 (Figura 2).

La relación entre los valores en ambas escalas se presenta en la figura 3. El aspecto más destacable de esta relación es que esta no es lineal, lo cual complica considerablemente el estudio genético de los caracteres umbrales. No obstante, se da la circunstancia favorable de que, aunque no sea lineal, es siempre creciente. Esto supone que una clasificación de los animales por valor genético en la escala visible conduce a una clasificación correcta en la escala subyacente.

Puesto que sólo la escala visible es accesible interesa averiguar la relación existente entre la heredabilidad en ambas escalas. La técnica de cálculo está descrita por Robertson en un apéndice al artículo de DEMPSTER y LERNER (1950). Asumiendo el modelo más sencillo ($y_S = u_S + \varepsilon s$), y puesto que la escala subyacente se supone estrictamente aditiva, la relación entre valor genético ($u_S$) y dosis génica es lineal, pero no es así en el caso de la escala visible. Es posible determinar qué parte de $u_V$ mantiene una relación lineal con $u_S$ ($u(a)_V$), regresando los valores $u_V$ en $u_S$ (Figura 4). La varianza genética aditiva de la escala visible ($\sigma^2 u(a)_V$) sería aquella parte de la varianza genética ($\sigma^2 u_V$) debida a $u(a)_V$.

DEMPSTER y LERNER (1950) nos indican una expresión que liga las heredabilidades en ambas escalas.:

$$h^2_V = h^2_S (z^2 / p(1-p))$$

donde:

- $h^2_V$ es la heredabilidad en la escala visible

$$\sigma^2_{y_s} = 1$$

$$\sigma^2_{u_s} = h^2_s$$

$$\sigma^2_{\epsilon_s} = 1 - h^2_s$$

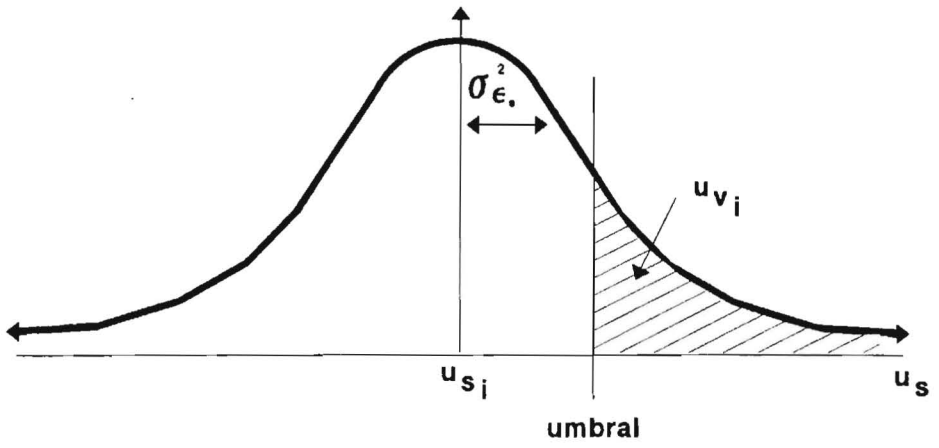



Figura 2. Definición del valor genético en la escala visible ($u_v$)

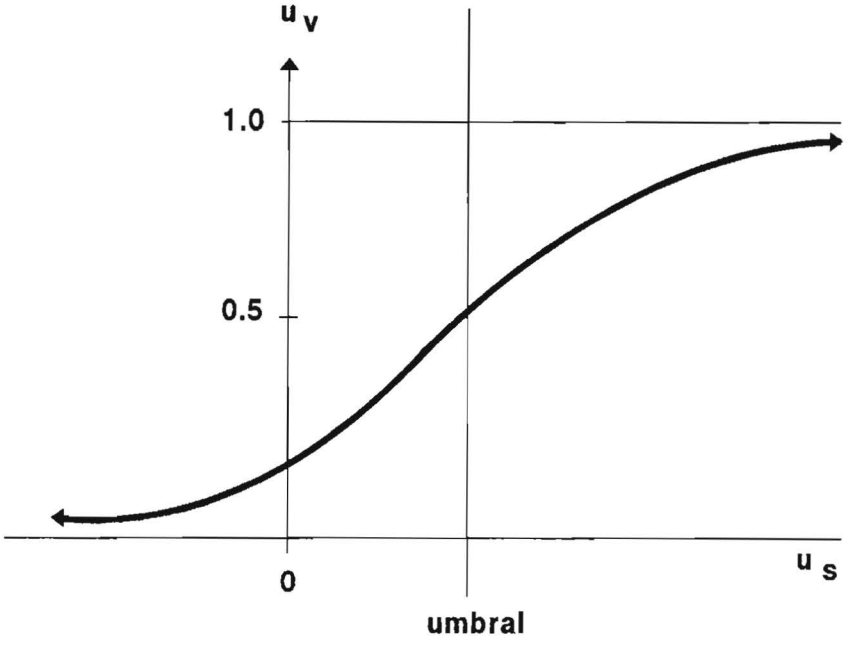



Figura 3. Relación entre los valores genéticos en la escala visible y en la subyacente

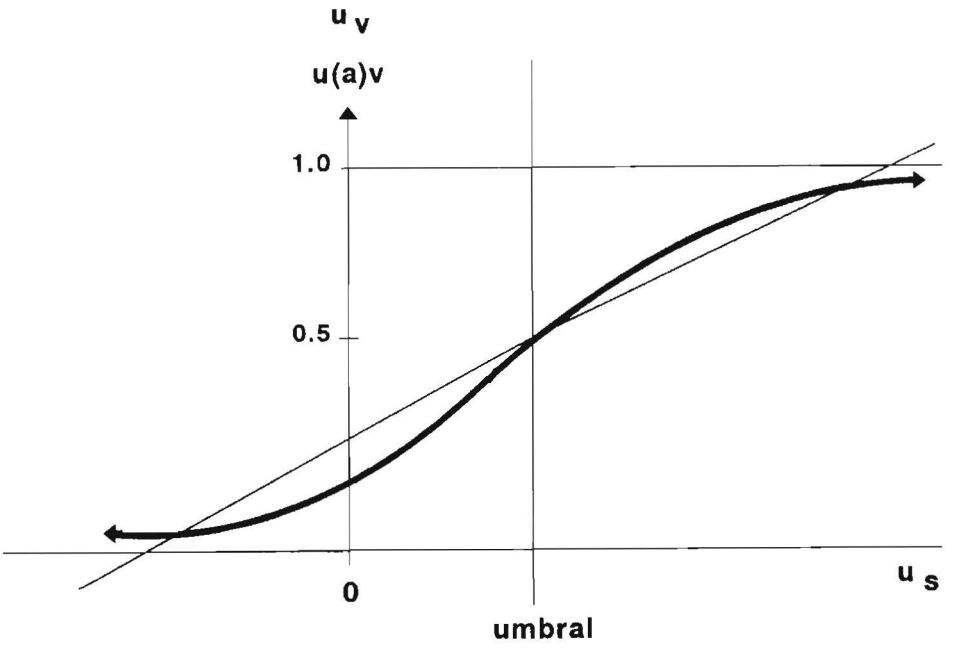



Figura 4. Determinación del valor genético aditivo en la escala visible

$h^2_S$ es la heredabilidad en la escala subyacente
z es la ordenada de la curva normal en el valor del umbral
p es la incidencia del carácter

En la Tabla 1 se dan los valores de $h^2_S$, para diversos valores de $h^2_V$ y de la incidencia del carácter.

En el caso de la raza aragonesa, en la que la incidencia de partos dobles es de 0,3, a una $h^2_V$ de 0,05 le corresponde una $h^2_S$ de 0,086.

Como consecuencia de que sólo una parte de la varianza genética en la escala visible es aditiva, se deduce que el resto será no aditiva (o epistática, como dicen DEMSP-

TABLA 1
VALORES DE LA HEREDABILIDAD EN LA ESCALA SUBYACENTE PARA DIVERSOS VALORES DE $H^2_V$ Y DE LA INCIDENCIA

| | | Incidencia | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | 0,05 | 0,1 | 0,2 | 0,3 | 0,4 | 0,5 |
| $h^2_V$ | 0,05 | 0,219 | 0,125 | 0,102 | 0,086 | 0,080 | 0,078 |
| Escala | 0,10 | 0,439 | 0,251 | 0,203 | 0,173 | 0,160 | 0,157 |
| visible | 0,15 | 0,658 | 0,376 | 0,305 | 0,259 | 0,241 | 0,235 |

TEr y LERNER, 1950). De los cálculos de estos mismos autores se deduce que la menor proporción de varianza genética no aditiva tiene lugar para heredabilidades bajas e incidencias próximas a 0,5. Asimismo, mantienen que se comete un error importante cuando se usa la $h^2_v$ en lugar de $h^2_s$ para predecir la ganancia genética, cuando la varianza genética no aditiva es alta y las intensidades de selección también lo son.

Para una completa revisión del tema puede consultarse GIANOLA (1982).

## Esquema de selección

En la figura 5 se presenta de forma gráfica el esquema de selección propuesto para esta población.

Teniendo en cuenta lo limitado de la IA, se ha optado por diseñar un esquema clásico de selección en el que los rebaños se conectan mediante machos de referencia, cumpliendo éstos, además, la misión de transmisores del progreso genético.

Puesto que la vida media de una oveja es de 8 años, cada año se renovará el 12% de las mismas en los rebaños.

El esquema se constituye con 60 rebaños y un centro de Inseminación Artificial. Cada año ingresarán en el CIA 20 corderos de 6 meses, que se pretenden sean hijos de los mejores sementales (machos prolíficos de IA ) (MP) y del 2 por mil de las ovejas de la población (las de mayor mérito genético) (HP). Estos corderos serán entrenados para la eyaculación en vagina artificial e inseminarán a un número determinado de ovejas de los rebaños, de modo que se obtenga unas 60 hijas por morueco (se procurará que estas hijas estén al menos en cuatro rebaños diferentes de modo que, al principio, se garantice la conexión de todos los rebaños).

Periódicamente se procederá a una valoración de reproductores mediante la metodología BLUP (como se describe más adelante). De los machos probados anualmente se seleccionará un 25% por su mayor mérito genético y se declararán prolíficos (MP). Estos machos prolíficos permanecerán en el CIA durante un año, durante el cual difundirán en la población sus buenas cualidades genéticas.

El reducido número de machos mejorantes no permitirá una gran difusión de la mejora genética lograda en el CIA. Está previsto que los ganaderos utilicen masivamente en los rebaños hijos de los machos prolíficos (MP) y de las mejores ovejas de cada rebaño (HM). Estos machos de monta natural (MN) se prevé se usen durante dos años.

Para evaluar la posible respuesta a la selección que este esquema reportaría a la población, se ha utilizado la técnica descrita por ELSEN y MOCQUOT (1974) y HILL (1974) basada en la identificación en la población de los grupos de animales en los que se produce progreso genético y en la evolución de los mismos a lo largo del tiempo. En este caso concreto se identificaron cuatro grupos de machos en el CIA con edades comprendidas entre 1 y 4 años, siendo estos últimos los MP. Asimismo, se identifica un grupo de hembras con 3 años de edad que serán las madres de futuros sementales (HP)

En los rebaños se identifican 6 grupos de machos. Los machos de 4 años son los MP y

| | Modelo no lineal | Modelo lineal |
|---|---|---|
| r | 0,46 | 0,39 |
| r (Spearman) | 0,46 | 0,38 |

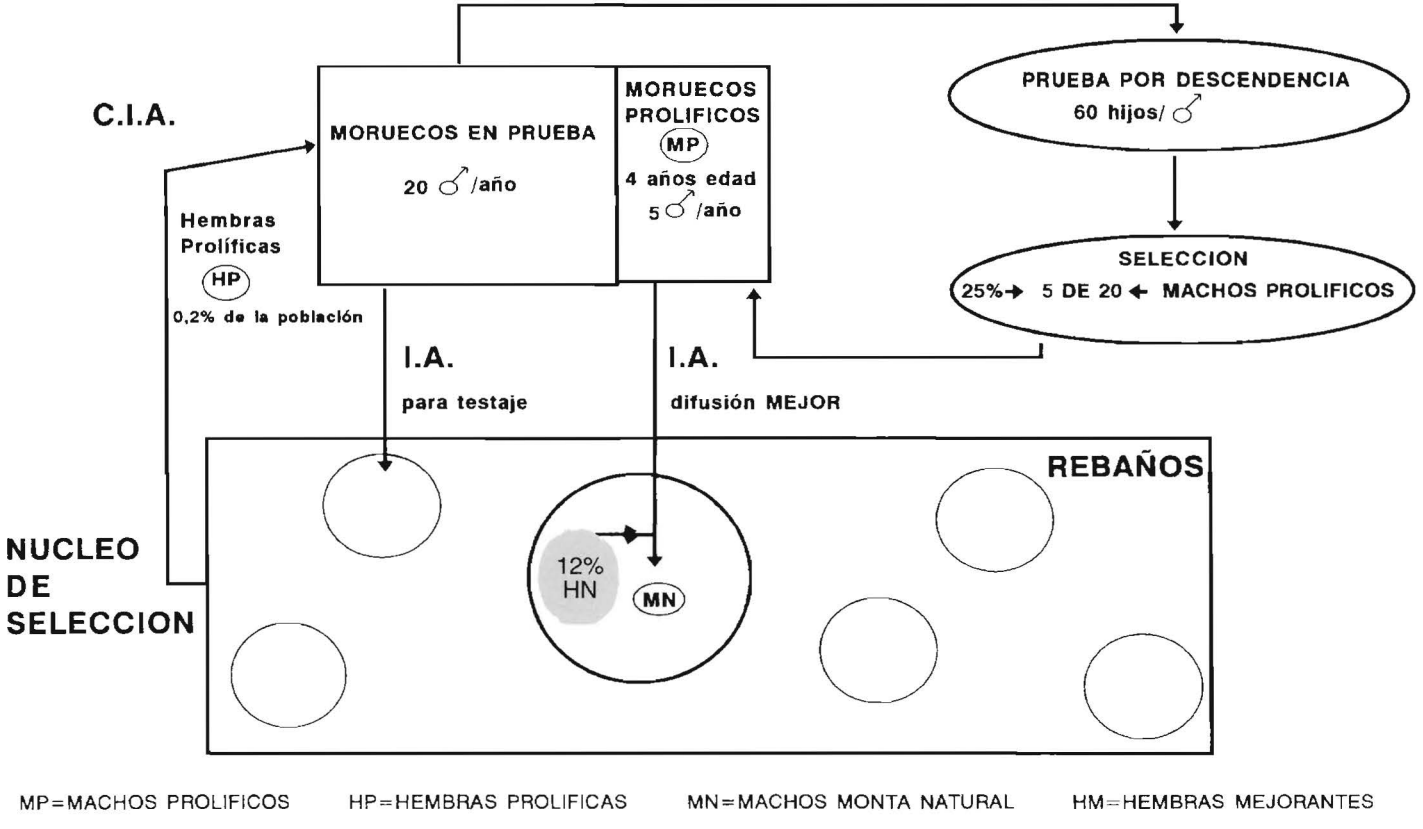



Figura 5. Esquema de selección para prolificidad

sus hijos (usados los años 5 y 6 del programa con 1 y 2 años de edad) son los MN. En las hembras se identifican 8 grupos con edades comprendidas de 1 a 8 años. En este caso las hembras con 3 años de dad son las seleccionadas en cada rebaño (HM).

En la figura 6 se puede visualizar el progreso genético esperado por año para 4 de los grupos antes identificados, machos prolíficos (MP), machos de monta natural (MN), hembras prolíficas (HP), y hembras mejorantes (HM), expresado en unidades de intensidad de selección (i). Dicho progreso genético se ha estimado para un período de tiempo de 10 años de selección más tres previos, siendo la última evaluación genética la efectuada el año 12.

Se observa que el mayor progreso genético se concentraría en los MP y HP por ser éstos los verdaderos motores del esquema. La mejora conseguida en los rebaños MN y HM es consecuencia de las anteriores. Los otros grupos de animales presentan diferentes grados de progreso siempre inferiores a estos. Al cabo de los 13 años de programa, el valor genético medio de la población es el que se alcanzaría si a partir de ese momento los apareamientos se produjeran al azar, con lo que los diversos grupos se irían igualando en cuanto a mérito genético. Este valor sería de 6,92 y sería el mismo que se podría obtener mediante la fórmula clásica de DICKERSON y HAZEL (1944) y RENDEL y ROBERTSON (1950). No obstante, el método propuesto permite seguir la evolución de los grupos en los que estemos interesados a lo largo del tiempo.

Este progreso se ha calculado sobre la escala subyacente y supone un incremento de 0,595 unidades ($R=ih^2_S=6,92$ x 0,086=0,595). Dicho incremento se traduce en la escala visible en una incidencia del 51%. Partiendo de una incidencia inicial de un 30%, al cabo de 10 años de selección se prevé alcanzar una prolificidad media en el núcleo de selección 1,51.

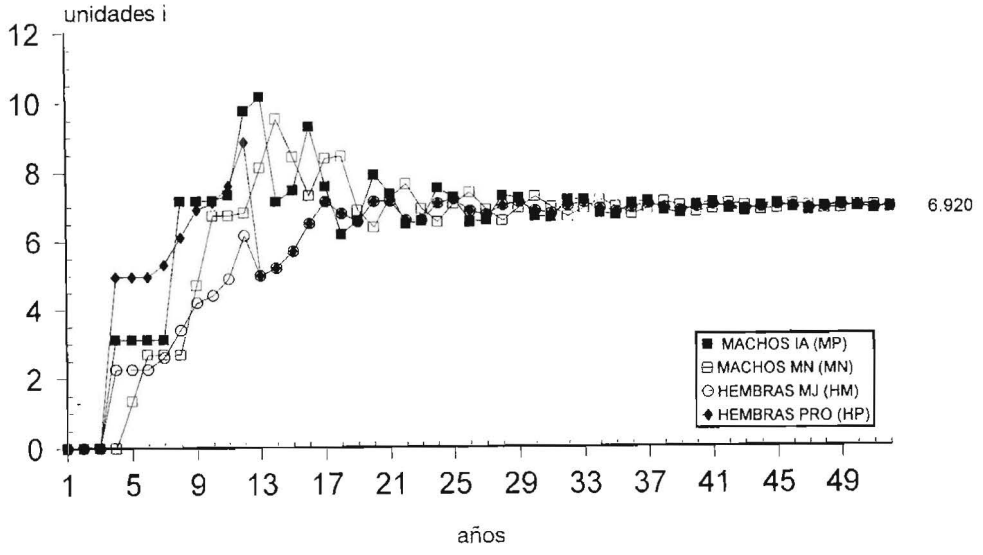



Figura 6. Respuesta teórica a la selección

## Evaluación genética de reproductores

Una de las condiciones que se consideran esenciales para una correcta aplicación de los modelos lineales en el análisis de un carácter es que éste presente una distribución normal. Los modelos lineales es una técnica suficientemente "robusta" para ser válida aún cuando el carácter estudiado no se ajuste fielmente a la citada distribución. Así, se considera aceptable ignorar la naturaleza discreta de un carácter si éste cuenta con al menos 6 clases y su distribución no es claramente asimétrica o curtósica. No obstante, en el carácter prolificidad en ganado ovino, no es posible ignorar su naturaleza discreta y la clara asimetría de la distribución.

La metodología BLUP está generalmente aceptada como el método más eficiente y versátil para obtener una clasificación de los animales por mérito genético. Dándose las condiciones adecuadas, el BLUP conduce a predicciones insesgadas y de mínima varianza. Por otra parte, hay considerables reservas de tipo teórico respecto a que pueda ser aplicado a caracteres discretos. GIANOLA (1980) concreta, entre otras, alguna de estas dificultades en los siguientes puntos:

- Los valores asignados a cada clase son a menudo arbitrarios.
- La varianza en la escala observable no es constante y depende del valor genético de los candidatos a la selección.
- La varianza genética depende de la incidencia del carácter en la población.
- En la escala visible se presenta varianza genética no aditiva, tal como se dijo en la descripción del modelo.

No es escasa la literatura acerca de los métodos para tratar de tener en cuenta estas dificultades, (BERGER y FREEMAN, (1978), QUAAS y VAN VLECK (1980). En muchos casos estas nuevas técnicas empeoran la situación mas que mejorarla.

Aceptando el modelo umbral, se han desarrollado algunos métodos no lineales los cuales no presentan las dificultades citadas anteriormente, (GIANOLA y FOULLEY, (1983) y HARVILLE y MEE (1984). Presentan, no obstante, enormes problemas computacionales.

Ante esta problemática caben dos posibles alternativas:

- Aplicar métodos no lineales a pesar de las dificultades de tipo computacional.
- Ignorar la naturaleza discreta del carácter, aplicar la metodología BLUP y contrastar las consecuencias.

Presentaremos a continuación algunos argumentos con el fin de optar por uno de los dos métodos *con el exclusivo fin de obtener una clasificación de los animales por mérito genético.*

OLESEN y col. (1994) comparan un modelo lineal con modelos no lineales, como el modelo umbral (GIANOLA y FOULLEY, 1983), y un modelo Poisson (FOULLEY, 1987) para el análisis genético de la prolificidad de ovejas primíparas en ovejas de dos razas noruegas. Los modelos se compararon con respecto a calidad de la bondad del ajuste, capacidad predictiva y clasificación de los machos. El modelo que se aplicó fue un modelo macho. El modelo umbral se aplicó mediante un programa basado en modificaciones de MISZTAL y col. (1989). Como resultado más interesante en nuestro contexto, destacaremos que todos los modelos condujeron a resultados similares respecto a los tres criterios anteriores, siendo el peor el que asumía el modelo Poisson.

TORO y JURADO (1986), mediante simulación, trataron de establecer una clasificación genética de los integrantes de una población mediante un modelo animal con medidas repetidas, incluyendo como efectos fijos, el año y estación de parto, así como la edad de la oveja. Dicha población trataba de reproducir las características de la raza Rasa Aragonesa. Los parámetros genéticos en la escala subyacente presentaban una heredabilidad entre 0,05 y 0,20 y una repetibilidad entre 0,10 y 0,40. Los resultados obtenidos se compararon con los verdaderos en varias situaciones: a) con genealogía desconocida, b) suponiendo que sólo se conocen las madres y c) suponiendo conocida toda la genealogía (cada macho tenía 20 hijas). A continuación se presenta la correlación (r) entre el verdadero valor (obtenido por simulación) y su predicción BLUP en las condiciones siguientes y para determinados grupos de animales:

*Parámetros utilizados*

Prolificidad media = 1,4
$h^2_S = 0,05$

Repetibilidad = 0,10

Solo machos (20 hijas con un solo parto) ..... 0,56
Hembras madres de otros animales ... 0,38
Animales sin descendencia ..... 0,37
Todos los animales. ..... 0,38

Otros estudios complementarios nos dan los resultados de la Tabla 2.

Por otra parte, se trató de comparar la clasificación de los animales obtenida mediante el modelo no lineal propuesto por GIANOLA y FOULLEY (1983) y un modelo lineal. Se utilizó un modelo macho, que incluía como efectos fijos el rebaño, el año y la estación de parto, así como la edad de la oveja. La heredabilidad de la distribución subyacente se supuso igual a 0,086 y la repetibilidad 0,10. La población estaba integrada por 20.000 ovejas y 400 machos, efectuándose 5 generaciones solapadas sin selección. Ambos modelos se corrieron en el programa CMMAT2 de MISZTAL (1989). Los resultados provisionales en promedio fueron los siguientes:

TABLA 2

| | SOLO MACHOS | SOLO HEMBRAS | TODOS |
|---|---|---|---|
| 53 hijas/macho | | | |
| 1 parto por oveja | | | |
| r | 0,61 | 0,36 | 0,37 |
| r (Spearman) | 0.64 | 0,35 | 0,36 |
| 40 hijas/macho | | | |
| 2 partos por oveja | | | |
| r | 0,63 | 0,39 | 0,41 |
| r (Spearman) | 0,60 | 0,38 | 0,39 |
| 40 hijas/macho | | | |
| 50% hijas con 1 parto | | | |
| 50% hijas con 2 partos | | | |
| r | 0,57 | 0,33 | 0,36 |
| r (Spearman) | 0,58 | 0,32 | 0,34 |

De todo lo anterior podría deducirse que la utilización de un modelo lineal para obtener una clasificación de los animales por mérito genético conduciría a resultados parecidos a los que se obtendrían mediante modelos más sofisticados.

Cuestión diferente sería si se tratara de obtener estimas de componentes de varianza o de estimar la respuesta realizada a la selección, pues en estos casos, la relación no lineal entre ambas escalas no nos permitiría hacer inferencias de una escala a otra. A este respecto, se presentan como prometedoras las técnicas de muestreo de Gibbs que recientemente se han incorporado a la metodología en Mejora Genética animal. SORENSEN y col. (1995) y HOESCHELE y TIER (1995) presentan métodos para efectuar inferencias bayesianas en modelos umbrales mediante muestreo de Gibbs, basados en el muestreo de distribuciones de densidad truncadas que conducen a estimas de distribuciones posteriores de las componentes de varianza y del progreso genético real.

## Bibliografía


BERGER, P.J.; FREEMAN, A.E. 1978. "Prediction of sire merit for calving difficulty". *J. Dairy Sci.* 61: 1146-1150.

BRU, 1995. "Inseminación cervical con semen fresco en ovejas de raza Rasa Aragonesa. Resultados y análisis".

CASTELLANO, J.L.; GABIÑA, D.; CARABAÑO, M.J. 1986. "Economic importance of the reproductive results in flocks of The Ebro Valley". *Seminario conjunto Hispano-norteamericano.* Zaragoza, noviembre 1986: 114-122.

DEMPSTER, E.R.; LERNER, I.M. 1950. "Heritability of threshold characters". *Genetics*, 35: 212.

DICKERSON, G.E., HAZEL, L.N. 1944. "Effectiveness of selection on progeny performance as a supplement to earlier culling in livestock". *J. Agric. Res.* 69: 459.

ELSEN, J.M.; MOCQUOT, J.C. 1974. "Methode de prevision de l'evolution du niveau genetique d'une population soumisse a une operation de selection et dont les generations se cevanchent". *Bull Tech. Dep. Genet. Anim.* (Ins. Nat. Rech. Agron. Fr) nº 17: 30.

FOULLEY, J.L.; GIANOLA, D.; IM, S. 1987. "Genetic evaluation of traits distributed as Poisson-binomial with reference to reproductive traits". *Theor. Appl. Genet.* 73: 870.

GIANOLA, D. 1980. "A method of sire evaluation for dichotomies". *J. Anim. Sci.* 51: 1266-1271.

GIANOLA, D. 1982. "Theory and analysis of treshold characters". *J. Anim. Sci.* 54: 1079-1096.

GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. 1983. "Sire evaluation for ordered categorical daa with a threshold model". *Gen. Sel. Evol.* 15(2): 201-224.

HARVILLE, D.A.; MEE, R.W. 1984. "A mixed-model procedure for analising ordered categorical data". *Biometrics*, 40: 393-408.

HILL, W.G. 1974. "Prediction and evaluation of response to selection with overlapping generations". *Anim. Prod.* 18: 117.

HOESCHELE, I.; TIER, B. 1995. "Estimation of variance components of treshold characters by marginal posterior modes and means via Gibbs sampling". *Genet. Sel.* Evol. 27: 519-540.

MISZTAL, I.; GIANOLA, D.; FOULLEY, J.L. 1989. "Computing aspects of a non linear method of sire evaluation for categorical data". *J. Dairy Sci.* 72: 1557-1568.

OCCON, A. 1988. "Repetibilidad y heredabilidad de la prolificidad en la raza *Rasa Aragonesa*. Optimización de los progresos genéticos en los procesos de selección". *Tesis doctoral.*

OLESEN, I.; PÉREZ-ENCISO, M.; GIANOLA, D., THOMAS, D.L. 1994. "A comparison of Normal and Non normal mixed models for number of lambs born in Norwegian sheep". *J. Anim. Sci.* 72:1166.

QUAAS, R.L.; VAN VLECK, L.D. 1980. "Categorical trait sire evaluation by best linear unbiased prediction of future progeny category frecuencies". *Biometrics*, 36: 117-122.

RENDEL, J.M.; ROBERTSON, A. 1950. "Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle". *J. Genet.* 50: 1.

SORENSEN, D.; ANDERSEN, J.; GIANOLA, D.; KORSGAARD, I. 1995. "Bayesian inference in treshold models using Gibbs sampling". *Genet. Sel.* Evol. 27: 229-249.

TORO, M.; JURADO, J.J.; ALONSO, A. 1986. "The selection for prolificacy in Spanish sheep breeds". *Seminario conjunto Hispano-Norteamericano sobre Mejora Genética Ovino.* Zaragoza. Noviembre 1986.

VALDEMOROS, F. 1996. "Esquema de selección para prolificidad en la raza *Rasa Aragonesa*". Progreso genético esperable. *IAMZ.* Zaragoza.

WRIGHT. 1934. "An analysis in number of digits in an inbred strain of guinea pigs". *Genetics*, 19: 506.